

**UTAREKUDOKSEN PERINNÖLLINEN VAIHTELU JA YHTEYS
MUIHIN OMINAISUUKSIIN AYRSHIRELEHMILLÄ**

Juulia Ahlholm
Maisterintutkielma
Helsingin yliopisto
Maataloustieteiden osasto
Kotieläinten jalostustiede
Toukokuu 2018

Tiedekunta Maatalous-metsätieteellinen tiedekunta		Laitos Maataloustieteiden osasto	
Tekijä Juulia Ahlholm			
Työn nimi Utarekudoksen perinnöllinen vaihtelu ja sen yhteys muihin ominaisuuksiin ayrshirelehmillä			
Oppiaine Kotieläinten jalostustiede			
Työn laji Maisterintutkielma		Aika toukokuu 2018	Sivumäärä 46
<p>Tiivistelmä</p> <p>Suomen Ayrshirekasvattajat ry on vuodesta 2004 tarjonnut jäsenilleen kanadalaiseen rakenneluokitussjärjestelmään pohjautuvaa AF-Class-luokituspalvelua. Kanadalaisessa ja pohjoismaisessa luokituksessa on muutamia eroja lypsylehmien arvosteltavissa ominaisuuksissa, kuten utarekudoksen laadun arviointi, joka kertoo utarekudoksen pehmeystä ja joustavuudesta. Tutkielmassa arvioitiin utarekudoksen perinnöllinen vaihtelu ja sen yhteyttä tuotos- ja utarerakenneominaisuuksiin ayrshirelehmillä.</p> <p>Suomen Ayrshirekasvattajat ry:ltä saadussa rakenneluokituksen aineistossa oli vuosilta 2011-17 kaikkiaan 5 287 lehmää. Faba osk:lta saatiin näille lehmille suku-, karja-, tuotos-, siemennys- ja poikimatiedot. Rajausten jälkeen geneettiseen analyysiin käytettävä ensikkolehmien aineisto käsitti 3 303 lehmää ja niiden sukulaisuustiedot neljän polven syvyydeltä.</p> <p>Tutkittaviin ominaisuuksiin vaikuttavat kiinteät tekijät testattiin varianssianalyysillä. Periytymisasteet ja geneettiset ja ympäristöpoikkeamien korrelaatiot laskettiin eläinmallilla bayesläisellä menetelmällä R-ohjelmiston MCMCglmm-analyysillä.</p> <p>Ensimmäisen lypsykauden tuotosominaisuuksille saatiin periytymisasteet seuraavasti: maitotuotos 0,34, proteiinituotos 0,26 ja rasvatuotos 0,24. Soluluvun (logaritmin) periytymisaste oli 0,10. Utarerakenneominaisuuksien periytymisasteet olivat seuraavat: etukiinnitys 0,13, vedinpituus 0,47 ja utarekudos 0,15.</p> <p>Utarekudoksen ja tuotosominaisuuksien geneettiset korrelaatiot olivat negatiivisia: -0,36 – -0,34. Utarekudoksen ja -rakenneominaisuuksien geneettisistä korrelaatioista korkeimpia olivat kokonaisutarerakenteelle 0,52, keskisiteelle 0,51 ja utaremuodolle 0,45.</p> <p>Aineisto oli edustava ja riittävän suuri, koska tuotosominaisuuksien periytymisasteet olivat samaa luokkaa kuin aikaisemmin saadut estimaatit ja estimaattien luotettavuus oli tyydyttävä.</p> <p>Lehmien poikimakertojen määrä kertoo lehmien kestävydestä. Ensimmäisen lypsykauden tuloksista poikimakertojen määrän vaihteluun vaikuttivat eniten maitotuotos ja soluluku ja utarerakenneominaisuuksista keskiside ja utaremuoto. Koska utarekudos on jälkimmäisten kanssa korreloinut, sen vaikutus ei näiden jälkeen tullut esille.</p> <p>Utarekudoksen laadussa on perinnöllistä vaihtelua ja se on positiivisesti geneettisesti korreloitunut kokonaisutarerakenteen, keskisiteen ja utaremuodon kanssa. Utarekudoksen merkityksestä lehmien kestävyden indikaattorina saatiin viitteitä tehdä luotettavampi arviointi laajemmalla aineistolla. Suomen Ayrshirekasvattajat ry:n AF-Class-luokituspalvelua käyttävien kannattaisi luokitkaa kaikki eläimensä, jotta tutkimukseen ja valintaa varten saadaan vaihtelun kannalta edustava aineisto.</p>			
Avainsanat ayrshire, lypsykarja, utarekudos, utarerakenne, periytymisaste, geneettinen korrelaatio			
Säilytyspaikka Maataloustieteiden osasto ja Viikin kampuskirjasto			
Muita tietoja Työtä ohjasi Asko Mäki-Tanila			

Faculty Faculty of Agriculture and Forestry		Department Department of Agricultural Sciences	
Author Juulia Ahlholm			
Title Genetic variance and correlations of udder texture			
Subject Animal Breeding Science			
Level Master's Thesis		Month and year May 2018	Number of pages 46
<p>Abstract</p> <p>Since 2004 the Finnish Ayrshire Breeders' Society has offered a Canadian conformation classification system to its members via the cooperation with Ayrshire-Canada. The Canadian classification system differs from the Nordic system and has e.g. udder texture as a new trait describing udder softness and elasticity. The research objective was to estimate the genetic variation of udder texture and its correlation to production traits and somatic cell count and udder conformation traits in the Finnish Ayrshire cows.</p> <p>The data from the Finnish Ayrshire Breeders contained phenotypic records on the 1st lactation cows in 2011–2017. Finnish Animal Breeding Association (Faba osk) provided pedigree, herd, yield, insemination and calving information for the cows. The final data set for statistical analyses contained records on 3303 cows. The fixed effects of the traits were investigated by analysis of variance (R program lm). The variance and covariance components of the traits were analysed with Bayesian methodology resorting to the R program MCMCglmm.</p> <p>The heritabilities for the first lactation traits were 0,34 for milk yield, 0,26 for protein yield and 0,26 for fat yield and 0,10 for logarithmic somatic cell count (SCS). The heritability of udder conformation traits were from 0,13 for fore udder up to 0,47 for teat length. The heritability of udder texture was 0,15.</p> <p>The genetic correlation of udder texture with production traits were all negative: -0,36 – -0,34, and zero with SCS. The genetic correlations of udder texture with other udder conformations traits were positive with the highest being with mammary system (0,52), median suspensory (0,51) and udder depth (0,45).</p> <p>The data was representative and sufficiently large, as the heritabilities for production traits were similar to those found earlier and the accuracy of estimates was satisfactory. The longevity can be measured by the total number of lactations. The variation in this number was mainly explained by the milk yield and SCS of the first lactation records. Among the respective udder conformation traits, also the median suspensor and udder depth were significant. Because the udder texture is correlated with the latter ones, its contribution to the variation was not significant.</p> <p>Udder texture has a reasonable amount of genetic variation and is positively genetically correlated with other udder conformation traits, in particular with mammary system, median suspensory and udder depth. The use of the udder texture as an indicator trait for longevity would require a larger data volume. People who use the Finnish Ayrshire Breeder's AF-class-system should have all their cows assessed so the research and selection would have access to records covering a representative variation range.</p>			
Key words ayrshire, dairy cattle, udder texture, udder quality, udder conformation, heritability, genetic correlation			
Where deposited Department of Agricultural Sciences ja Viikki Campus Library			
Additional information Supervised by Asko Mäki-Tanila			

Sisällysluettelo

1 KÄSITTEET, LYHENTEET JA SYMBOLIT	5
2 JOHDANTO	6
3 KIRJALLISUUSKATSAUS	7
3.1 Utareen anatomia.....	7
3.2 Rakenneominaisuuksien lineaarinen arviointi.....	7
3.3 Perinnöllisen vaihtelun määrä	9
3.4 Utarekudos.....	11
4 TUTKIMUKSET TAVOITTEET.....	14
5 AINEISTO JA MENETELMÄT	14
5.1 Aineiston kuvaus	14
5.2 Tutkittavat ominaisuudet	17
5.3 Aineiston rajaaminen.....	19
5.4 Vaihteluun vaikuttavat kiinteät tekijät	19
5.5 Tilastolliset menetelmät ja mallit	21
6 TULOKSET	23
6.1 Tutkittavien ominaisuuksien keskiarvot ja vaihtelu	23
6.2 Tutkittavien ominaisuuksien selittävät tekijät	27
6.3 Tutkittavien ominaisuuksien periytymisasteiden arviot.....	32
6.4 Utarekudoksen geneettiset korrelaatiot	33
6.5 Kestävyyteen vaikuttavat tekijät.....	36
7 TULOSTEN TARKASTELU	38
7.1 Aineistot	38
7.2 Periytymisasteet.....	39
7.3 Geneettiset korrelaatiot utarekudoksen ja muiden tutkittavien ominaisuuksien välillä	40
7.4 Kestävyys	41
8 JOHTOPÄÄTÖKSET	42
9 KIITOKSET	43
10 LÄHTEET	44

1 KÄSITTEET, LYHENTEET JA SYMBOLIT

μ = keskiarvo

DIM = days in milk, päiviä maidossa

ESS = otoksen efektiivinen koko (effective size of samples)

ϵ_i = jäännöstekijä

FAY = suomalainen ayrshire

h^2 = periytymisaste, heritabiliteetti

MCMCglmm = Markov ketju Monte Carlo –menetelmä yleistetyille lineaariselle sekamallille

NAV = Pohjoismainen jalostusarvosteluyhdistys

QTL = Quantitative trait loci, kvantitatiivisten ominaisuuksien geenialueet

RDM = Tanskan punakirjava rotu

SCC = somatic cell count, somaattinen soluluku, 1 000 kpl / ml

SCS = somatic cell score, somaattisen soluluvun logaritmimuunnos

SRB = Ruotsin punakirjava rotu

σ = keskihajonta

σ^2 = varianssi

2 JOHDANTO

Suomen Ayrshirekasvattajat – Finnish Ayrshire Breeders ry on perustettu vuonna 2000. Yhdistys haluttiin perustaa, jotta ayrshirerotuisia lehmii voitaisiin jalostaa karjanomistajien toiveiden mukaisesti. Myös kansainvälisyyttä haluttiin lisätä. Sen seurauksena aloitettiin lehmien rakennearvostelussa käyttää AF-Class eli Ayrshire-Finland Classification -systeemiä syksyllä 2004, jolloin kanadalainen rakenneluokittaja Yves Charpentier arvosteli yhdistyksen jäsenten lehmii ensimmäisen kerran kanadalaisen luokitusjärjestelmän mukaan Suomessa (Ayrshire-lehti 2010).

Vuodesta 2012 luokitustulokset on kirjattu suoraan Luokittaja-ohjelmaan tablettitietokoneelle, joka korvasi aiemman paperiversion mukaisen tiedonkeruun luokituksesta (Ayrshire-lehti 2013). International Committee for Animal Recordingin (ICAR) ohjesäännöstä (2015) selviää, että pohjoismaiseen rakennearvosteluun verrattuna AF-Class -luokituksessa arvioidaan uusia ominaisuuksia, esimerkiksi utarekudoksen laatu.

Lehmän hyvä rakenne kuuluu lehmien karsinnan kriteereihin ja vaikuttaa lehmien selviytymiseen ensimmäiseltä laktaatiolta toiselle. Schneider'in ym. (2003) holstein-rodulla tehdyn tutkimuksen mukaan rakenteeltaan huonoiksi arvioiduista lehmistä 67 %, keskinertaisesti arvioiduista lehmistä 83 % ja hyviksi arvioiduista lehmistä 90 % jatkaa toiselle laktaatiokaudelle. Huonoutareiset ensikot poistuvat karjasta lähes 4,5 kertaa todennäköisemmin kuin ensikot, jotka ovat utareominaisuuksiltaan keskitasoa.

Nokan esityksessä (2017) vuoden 2016 lypsykarjan tuotosseurannan tuloksista vuodelta 2016 ilmenee, että Suomessa lehmien keskipoikimakerta oli 2,41. Lehmät poistuivat karjasta keskimäärin 2,98 laktaation jälkeen. Erityisesti kaksi tai useamman kerran poikineilla lehmillä huono utarerakenne oli yksi tärkeimmistä poiston syistä, neljänneksi tärkein syy. Utareperäiset tekijät (utaretulehdus, huono utarerakenne ja vedinvika/-vamma) olivat yhteensä 42 % kaikista poiston syistä. Sen sijaan ensikoilla huono utarerakenne ei ollut merkittävä poiston syy ja utareperäisiä poiston syitä oli ensikoilla muutenkin vähemmän (19,2% kaikista poistoista) kuin vanhemmilla lehmillä.

3 KIRJALLISUUSKATSAUS

3.1 Utareen anatomia

Naudan utareen kasvu alkaa jo sikiöaikana, mutta lopulliseen toimintamuotoonsa utare kehittyy syntymän jälkeen (Tucker 1987).

Naudan utare on jaottunut neljään eri utarelohkoon, jotka ovat toisistaan riippumattomia kammioita. Utare on kiinnittynyt lehmän lantion pohjaan ripustinelimellä, joka on sidekudosta. Lantionpohjasta lähtee kaksi paria ligamentteja, lateraaliset ja mediaaliset kannatinligamentit (Tanhuanpää 1993).

Saman puoleiset utarelohkot (oikea ja vasen) omaavat yhteiset – tuovat ja vievät – veri- ja imusuonistot sekä utareta kannattelevat sidekudoksiset kiinnitykset. Jokaisesta vetimestä tuleva maito on omasta lohkostaan peräisin. Utarekudos koostuu rauhaskudoksesta, parenkyymista, jossa on sekä isompia että pienempiä maitotiehyitä. Maitotiehyeet kulkevat maitoa tuottavista soluista, maitorakkuloista, kohti vedintä (Frandsen 1986).

3.2 Rakenneominaisuuksien lineaarinen arviointi

Lehmän utarerakennetta suositellaan arvioitavan lineaarisella asteikolla 1–9. Tämä asteikko sisältää ominaisuuden biologiset ääripäät. International Committee for Animal Recording (ICAR) on luonut ohjesäännön naudän rakenteen arvioimiseksi, joka perustuu World's Holstein-Friesian Federation'in (WHFF) kansainvälisesti harmonisoituun asteikkoon (ICAR 2017).

ICAR (2017) suosittelee utareesta arvioitavaksi vähintään seuraavat ominaisuudet: etukiinnitys, etuvedinten sijainti, vedinten pituus, utaremuoto, takakiinnityksen korkeus, keskiside ja takavedinten sijainti. On myös mahdollista arvioida muita ominaisuuksia, kuten takakiinnityksen leveys.

Taulukko 1. Ayrshire-rodulla käytetyn kanadalaisen rakenneluokitusjärjestelmän osa-alueet, ominaisuudet, niiden kuvaus, optimiarvo asteikolla 1–9 ja osa-alueiden ja niiden sisällä olevien ominaisuuksien painotukset kokonaisarvosanaan (Holstein Canada 2015).

	Ominaisuus	Kuvailu	Optimi	Paino, %	
UTARE	40 %	Utaremuoto	Utareen pohjaa verrataan kintereeseen	5–6	13
		Utarekudos	Kudoksen pehmeys ja joustavuus	9	15
		Keskiside	Keskisiteen syvyys koko utareen matkalta	9	15
		Etukiinnitys	Utareen kiinnittyminen vatsaan	9	15
		Etuviedinten sijainti	Vetimien sijainti verrattuna neljänneksen keskiosaan	6	7
		Takakiinnityksen korkeus	Maitoa tuottavan kudoksen ja emätimen etäisyys	9	13
		Takakiinnityksen leveys	Maitoa tuottavan kudoksen leveys	9	13
		Takavedinten sijainti	Vetimien sijainti verrattuna neljänneksen keskiosaan	5–6	7
		Vedinpituus	Takavedinten keskipituus	5	2
LANTIO	10 %	Lantion kulma	Istuinluun ja lantioluun korkeuden suhde	5–6	30
		Lantion leveys	Istuinluiden etäisyys	9	30
		Lanneselän vahvuus	Selän ja lantion yhdistävän nikaman vahvuus	9	25
		Lonkkakyhmyn sijainti	Lonkkakyhmyn sijoittuminen vaakasuorasti lantioluuhun ja istuinluuhun	6	15
JALAT	25 %	Sorkkakulma	Sorkan karvarajan kulma	7	20
		Sorkkakannan vahvuus	Sorkkakannan vahvuus sorkan takaosassa	7–9	25
		Luustonlaatu	Takajalkojen luiden paksuus	9	15
		Takajalkojen asento sivulta	Kinnerkulman kaarevuus	5	15
		Takajalkojen asento takaa	Kintereen kääntyminen katsottuna takaapäin	9	25
LYPSYTYYPPI	25 %	Takakorkeus	Korkeus lantion kohdalta	7–9	10
		Etukorkeus	Etupään korkeus	5–7	3
		Rinnan leveys	Rinnan leveys mitattuna etujalkojen välistä	7	22
		Rungon syvyys	Rungon syvyys viimeisen kylkiluun kohdalla	7	22
		Lypsytyyppisyys	Kylkiluiden kulmaus, avoimuus ja joustavuus	9	25
		Kuntoluokka	Rasvan määrä hännän päällä, lanneselässä ja lantion alueella	6–7	2
		Utarekudos	Kudoksen pehmeys ja joustavuus	9	6
		Luustonlaatu	Takajalkojen luiden paksuus	9	10

AF-Class-luokitus perustuu kanadalaiseen luokitusjärjestelmään, josta rotujärjestö Holstein Canada huolehtii Kanadassa kaikilla roduilla, vuoden 2015 ohjeessa ayrshirerotuisilta lehmiltä arvioidaan neljästä eri osa-alueesta yhteensä 24 ominaisuutta. Oheisesta taulukosta 1 selviävät kaikki eri ominaisuudet, mihin osa-alueisiin mitkäkin ominaisuudet kuuluvat, mikä on ominaisuuden optimi lineaarisella asteikolla ja paljonko milläkin ominaisuudella on painoa omalla osa-alueellaan. Esimerkiksi utarekudoksen pisteytys saadaan arvioimalla utareen kudoksen pehmeys ja joustavuus. Utarekudoksen optimi on 9 ja painotus utareen kokonaisarviossa 15 %. Utareen pistearvio vaikuttaa 40 %:n osuudella rakenteen kokonaistulokseen. Utarekudoksen arvio on myös osa lypsytyyppikokonaisuuden osa-aluetta 6 %:n painolla. Vuoden 2017 kesäkuussa Holstein Canada lisäsi utararakenteen arviointiin yhden uuden ominaisuuden, utareen tasapainon, jolla on 4 %:n paino utareen kokonaisarviossa

Lineaaripisteiden lisäksi on mahdollisuus huomioida eri ominaisuuksien suuria poikkeamia, joita ei voi lineaarisella asteikolla ilmaista. Näitä rakennevirheitä kuvaavia poikkeamia on jokaisessa osa-alueessa 5 – 10. Ne voivat ominaisuudesta riippuen vähentää osa-alueen pisteitä ja näin ollen vaikuttaa kokonaisarvioon 0,5 – 8,0 pisteen verran. Esimerkiksi tapaus, jossa yksi utareen neljännes on ummessa, voi alentaa utareen kokonaispisteitä 8 pisteellä. Virhepistelukua on myös mahdollisuus kaksinkertaistaa, jos virhe on todella huomattava (Holstein Canada 2015).

3.3 Perinnöllisen vaihtelun määrä

Lypsykarjan tuotosominaisuuksien periytymisasteet ovat populaatiosta ja tuotantoympäristöstä toiseen luokkaa 0,20 – 0,40. Esimerkiksi Boettcher ym:n (1998) holstein-rodulla tekemässä tutkimuksessa maitotuotoksen heritabiliteetti oli 0,21; valkuaistuotoksen 0,17 ja rasvatuotoksen 0,24. Somaattisen soluluvun logaritmin heritabiliteetti on alhaisempi, esimerkiksi brasilialaisilla holsteinlehmillä 0,13 (Campos ym. 2015).

Pohjoismaisilla punaisilla roduilla (suomalainen ayrshire FAY, Ruotsin punakirjava rotu SRB ja Tanskan punakirjava rotu RDM) tuotosominaisuuksien periytymisasteet esitettiin vuoden 2017 jalostusarvostelun yhteydessä pohjoismaisen jalostusarvosteluyhdistyksen eli NAVin toimesta. Ensimmäisen laktation maitotuotoksen periytymisaste oli 0,41, val-

kuaistuotoksen 0,35 ja rasvatuotoksen 0,41. Toisen ja kolmannen laktation tuotosominaisuuksien periytymisasteet olivat matalampia, 0,23–0,27. SCS:n periytymisaste vaihteli ensimmäiseltä kolmannelle laktatiolle 0,08:sta 0,15:een (NAV 2017).

Utarerakenneominaisuudet ovat periytymisasteiltaan hyvin vaihtelevia, matalasta korkeaan (taulukko 2). Eri tutkimuksissa utaremuodon periytymisaste on ollut 0,22–0,42; utarekudoksen 0,08–0,14; keskisiteen 0,14–0,21; etukiinnityksen 0,18–0,28; etuvedinten sijainnin 0,10–0,31; takakiinnityksen korkeuden 0,15–0,23; takakiinnityksen leveyden 0,15–0,20; takavedinten sijainnin 0,11–0,29; vedinpituuden 0,18–0,38 ja kokonaisutarerakenteen 0,18–0,25.

Taulukko 2. Utareen eri ominaisuuksien periytymisasteet eri tutkimuksista, jotka yhtä ayrshirellä tehtyä tutkimusta lukuun ottamatta on tehty holsteinlehmillä.

Ominaisuus	Boettcher 1998	Campos 2015	Kern 2015	Kistemaker ja Huapaya 2005		Wu 2013
				ayrshire	holstein	
Utaremuoto	0,26	0,25	0,26	0,32	0,42	0,22
Utarekudos	0,14	0,09	0,08	0,13	0,14	0,08
Keskiside	0,15	0,21	0,16	0,17	0,14	0,17
Etukiinnitys	0,19	0,18	0,20	0,23	0,28	0,27
Eturvedinten sijainti	0,25	0,28	0,27	0,17	0,31	0,10
Takakiinnityksen korkeus	0,22	0,22	0,18	0,19	0,23	0,15
Takakiinnityksen leveys	0,19	0,17	0,15	0,19	0,20	0,19
Takavedinten sijainti	0,24	0,18	0,16	0,24	0,29	0,11
Vedinpituus	0,21	0,38			0,31	0,18
Kokonaisutarerakenne	0,18			0,22	0,25	0,19

Utareen eri ominaisuudet kanadalaisella ayrshirella olivat Kistemaker'in ja Huapaya'n (2005) tutkimuksessa heritabiliteetiltaan matalasta keskinkertaiseen (Taulukko 2). Heidän vuodesta 1990 vuoteen 2005 kattava aineistonsa sisälsi 63 124 ayrshire-lehmää. Matalin (0,13) periytymisaste oli utarekudoksella ja korkein (0,32) utaremuodolla.

Pohjoismaisten punaisten rotujen (FAY, SRB ja RDM) indeksilaskentaan käytettävien utarerakenneominaisuuksien periytymisasteet olivat NAVin (2018) yhteenvedossa utaremuodolle 0,34, keskisiteelle 0,17, etukiinnitykselle 0,22, eturvedinten sijainnille 0,27, ta-

kakiinnityksen leveydelle 0,25, takakiinnityksen korkeudelle 0,23, takavedinten sijainnille 0,26 ja vedinpituudelle 0,44 ensimmäisellä laktatiolla. Utarekudosta Pohjoismaissa ei arvioida eikä se näin kuulunut indeksilaskentaan.

3.4 Utarekudos

Utarekudos on geneettisesti korreloittunut useisiin muihin utareen ominaisuuksiin (taulukko 3). Boettcher'in ym. (1998) tutkimuksessa holstein-aineistolla korkeimmat geneettiset korrelaatiot utarekudokseen olivat keskisiteen (0,77) ja koko takautareen (0,71) välillä. Ainoastaan etuvedinten pituudella oli negatiivinen (-0,05) geneettinen korrelaatio utarekudoksen kanssa, muiden utarerakenneominaisuuksien kanssa geneettinen korrelaatio oli vähintään 0,26. Utarekudoksella oli positiivinen geneettinen korrelaatio lypsynopeuteen, 0,18. Utarekudos on subjektiivinen mittari utareen erittävän kudoksen määrästä ja sen on ajateltu ilmaisevan maidon laskeutumisen helppoutta. Boettcher'in tutkimuksessa saatu positiivinen geneettinen korrelaatio tukee tätä ajatusta.

Taulukko 3. Utarekudoksen geneettiset korrelaatiot eri ominaisuuksiin kanadalaisessa holstein-populaatiossa (Boettcher ym. 1998).

Ominaisuus	Geneettinen korrelaatio
Etu-utare	0,50
Takautare	0,71
Kokonaisutarerakenne	0,48
Utaremuoto	0,26
Keskiside	0,77
Etukiinnitys	0,35
Etuvedinten sijainti	0,45
Etuvedinten pituus	-0,05
Takakiinnityksen korkeus	0,52
Takakiinnityksen leveys	0,49
Takavedinten sijainti	0,41
Lypsynopeus	0,18
Ensimmäisen laktation SCS	0,04

Utarekudos on geneettisesti korreloitunut tuotosominaisuuksien kanssa. Utarekudokselle löydettiin Camposin ym. (2015) tekemässä tutkimuksessa brasilialaisessa holstein-populaatiossa korkeammat positiiviset geneettiset korrelaatiot tuotosominaisuuksien kanssa kuin muilla rakenneominaisuuksilla, maitotuotoksen geneettinen korrelaatio utarekudoksen kanssa oli 0,39, rasvatuotoksen kanssa 0,35 ja valkuaistuotoksen kanssa 0,34. Esimerkiksi takakiinnityksen korkeus ja takakiinnityksen leveys olivat molemmat geneettisesti korreloituneet maitotuotoksen kanssa 0,19, rasvatuotoksen kanssa 0,16 ja 0,20 sekä valkuaistuotoksen kanssa 0,18 ja 0,19. Utaremuoto oli negatiivisesti geneettisesti korreloitunut tuotosominaisuuksien kanssa.

Holsteinlehmillä hyvä utarekudos oli yhteydessä matalampaan solulukkuun. (Monardes ym. 1989). Lihasutareisilla eli utarekudokseltaan huonoilla lehmillä oli vaikeuksia utareen tyhjenemisessä, joka taas voi aiheuttaa useammin utaretulehduksen tai muita sairauksia (Sewalem ym. 2005).

Taulukko 4. Suhteellinen poistamisen todennäköisyys (relative risk of culling) eri utarekudoksen lineaarisissa arviointiluokissa ayrshire- ja jersey-lehmillä, luokkaan 5 vertailaan muita luokkia (Sewalem ym. 2005).

Luokka	Ayrshire	Jersey
1	4,92	2,60
2	2,04	1,76
3	1,36	1,40
4	1,17	1,13
5	1,00	1,00
6	0,85	0,87
7	0,71	0,74
8	0,68	0,69
9	0,65	0,71

Taulukon 4 Sewalem ym. (2005) kanadalaisessa tutkimuksessa huomattiin, että erityisesti ne ayrshirelehmät, joilla oli huono utarekudos, poistuivat lähes 5 kertaa todennäköisemmin kuin ne ayrshirelehmät, joiden utarekudos oli keskitasoa, kun poiston syinä olivat funktionaaliset tekijät (muut kuin maitotuotos). Missään muussa utarerakenteen ominai-

suudessa arvion 1 saanut eläin ei poistunut niin suurella todennäköisyydellä kuin utarekudoksesta arvion 1 saanut ayrshirerodulla Jerseyllä huonoksi arvioidun utarekudoksen vaikutus ei ollut näin suuri, vaan 2,6-kertainen verrattuna keskimääräiseen. Jos utarekudos ayrshire- ja jerseylehmillä oli keskitasoa parempi eli luokissa 6–9, on todennäköisyys näillä poistua karjasta noin 70 % siitä, mitä se on utarekudokseltaan keskiarvoluokassa.

Kernin ym. (2014) tutkimuksessa todettiin, että utarekudos yhdessä utaremuodon, takavedinten sijainnin, luustonlaadun, etukiinnityksen, rungon syvyyden ja rinnan leveyden ominaisuuksia, joita voidaan käyttää jalostuksen apuvälineenä, jos lehmistä halutaan pitkäikäisempiä.

Optimaalinen utarerakenne on geneettisesti yhteydessä lehmän korkeampaan poistoikään. Kokonaiskestävyydellä tarkoitetaan, että poiston syynä on ollut maitotuotos, ja funktionaalisella kestävyydellä tarkoitetaan, että poiston syynä on ollut jokin muu kuin tuotos, kuten utaretulehdus tai hedelmällisyys (Vukasinovic 1994). Utarekudoksen ja kestävyiden välistä yhteyttä on toistaiseksi tutkittu vähän. Vukasinovic'in ym. tutkimuksessa (1994) sveitsiläisillä brown swisslehmillä utarekudoksen laadulla oli kokonaiskestävyyden kanssa 0,58–0,66 positiivinen geneettinen korrelaatio ja funktionaalisen kestävyiden kanssa 0,47–0,63 positiivinen geneettinen korrelaatio. Myös toisessa Vukasinovic'in ym. tutkimuksessa (2002) utarekudoksella oli toiseksi korkein positiivinen (0,37) geneettinen korrelaatio kokonaiskestävyyden kanssa.

Taulukko 5. Utarekudoksen, kokonaiskestävyyden ja funktionaalisen kestävyiden geneettiset korrelaatiot sveitsiläisellä brown swisslehmillä. Kokonaiskestävyys selittyy maitotuotoksen ja funktionaalinen kestävyys utaretulehduksen vastustuskyvystä tai säännöllisestä hedelmällisyydestä johtuvista poistonsyistä (Vukasinovic ym. 1994).

Ominaisuus	Kokonaiskestävyys			Funktionaalinen kestävyys		
	48 kk	66 kk	84 kk	48 kk	66 kk	84 kk
Etu-utare	0,48	0,54	0,57	0,44	0,56	0,60
Takautare	0,50	0,53	0,53	0,47	0,53	0,52
Keskiside	0,40	0,46	0,48	0,53	0,61	0,62
Utarekudos	0,58	0,65	0,66	0,47	0,62	0,63
Vetimen muoto	0,40	0,48	0,5	0,62	0,71	0,72
Vedinpituus	0,29	0,35	0,38	0,59	0,64	0,65
Vedinten sijainti	0,52	0,56	0,56	0,66	0,71	0,68
Vedinten asento	0,40	0,46	0,48	0,56	0,63	0,65

Utarekudos oli myös geneettisesti korreloittunut lehmän liikkuvuuden kanssa. Van Dorp'in ym. (2004) tutkimuksessa geneettinen korrelaatio näiden ominaisuuksien välillä oli kanadalaisella holsteinilla 0,31.

Kolbehdarin ym. tutkimuksessa (2008) holsteinrodun genomitestejä kehittäessä havaittiin, että utarekudosta säätelevät geenit olivat sijoittuneena samoille QTL-alueille kuin luustolaatu, keskiside, lypsytyyppi, takakorkeus ja kokonaisutarerakenne.

4 TUTKIMUKSET TAVOITTEET

Lehmien utarekudosta ei arvioida Pohjoismaissa, joten ominaisuus on täysin uusi täällä. Tämän tutkimuksen tavoitteena on estimoida suomalaisista ayrshirelehmistä

- 1) utarerakennetta kuvaavien ominaisuuksien perinnöllisen vaihtelun määrä
- 2) utarekudoksen laadun, muiden utarerakenneominaisuuksien ja tuotosominaisuuksien väliset geneettiset korrelaatiot
- 3) Utarerakenteen yhteys lypsykausien määrään (kestävyyteen).

5 AINEISTO JA MENETELMÄT

5.1 Aineiston kuvaus

Tutkimuksessa käytettiin aineistoja, jotka saatiin Suomen Ayrshirekasvattajat ry:ltä ja Faba osk:lta. Alkuperäinen Suomen Ayrshirekasvattajien rakennetietojen aineisto koostui 5 287 ayrshirelehmän AF-Class-luokituksesta (yhteensä 6 221) vuosilta 2011–2017. Faba osk:n aineistot sisälsivät AF-Class-luokituksen saaneiden eläimien suku-, karja-, tuotos-, siemennys- ja poikimatiedot.

Suomen Ayrshirekasvattajat ry:n aineistossa olivat seuraavat tiedot:

- | | |
|--------------------------|------------------------------|
| - luokituksen päivämäärä | - lehmän syntymäaika |
| - lehmän syntymätunnus | - luokituksen laktaatiokausi |

- AF-Class kokonaispisteet
- lantion kulma
- istuinluiden leveys
- lanneselän vahvuus
- lonkkanivelen sijainti
- lantion kokonaispisteet
- utaremuoto
- utarekudos
- keskiside
- etukiinnitys
- etuvedinten sijainti
- takakiinnityksen korkeus
- takakiinnityksen leveys
- takavedinten sijainti
- vedinten pituus
- utareen kokonaispisteet
- sorkkakulma
- sorkan kantaosan vahvuus
- luuston laatu
- takajalat sivulta
- takajalat takaa
- liikkuminen (pihatoista)
- jalkojen pisteet
- takakorkeus
- etukorkeus
- rinnan leveys
- rungon syvyys
- kuntoluokka
- lypsytyypin pisteet
- takakorkeus cm
- peräaukko edessä, vetäytynyt
- hännäntyvi edessä
- hännäntyvi takana
- korkea hännäntyvi
- vino häntä
- takaraskas
- eturaskas
- lyhyt etu-utare
- lyhyt takautare
- väärä utareen muoto
- erikokoinen neljännes
- neljännes ummessa
- lisävedin varsinaisen vetimen vieressä
- etuvetimet liian takana
- takavetimet liian takana
- sorkkapuoliskot epäsymmetriset
- vennot vuohiset
- turvonneet kintereet
- hennot jalat
- ontuva, jäykkäliikkeinen
- takajalat liian takana
- etusorkat ulospäin
- vino naama
- epämuodostunut leuka
- kapea etujalkojen takaa/etumaiset kylkiluut liian lyhyet
- kuroutunut lapojen takaa
- heikko (notko) selkä
- ei tarpeeksi kaarevat kylkiluut
- tyyliön, epätasapainoinen

Faba osk:n aineistoista perustiedot sisälsivät seuraavat:

- eläimen syntymätunnus
- isän syntymätunnus
- emän syntymätunnus
- eläimen sukupuoli (1=lehmä, 0=sonni)
- eläimen rotu (esim. 1=ayrshire)
- eläimen syntymäpäivä
- eläimen poistopäivä

ja poikimatiedot sisälsivät:

- eläimen syntymätunnus
- poikimapäivä
- poikimakerta

luokitettujen eläinten 305-päivän tuotostiedot sisälsivät:

- eläimen syntymätunnus
- poikimapäivämäärä
- maitotuotos, kg
- valkuaistuotos, kg
- rasvatuotos, kg
- tuotostiedon hyväksyttävyyys (H=valmis, K=kesken, V=virheellinen)
- somaattinen soluluku, 1 000 kpl/ml

luokitettujen eläimien sukulaistiedot (sukuryhmät käsiteltiin puuttuvina tietoina):

- eläimen syntymätunnus
- isän syntymätunnus
- emän syntymätunnus

luokitettujen eläimien karjatiedot sisälsivät:

- eläimen syntymätunnus
- karjanumero
- karjaan tulopäivä
- karjasta poistumispäivä

luokitettujen eläimien tyhjäkauden tiedot sisälsivät:

- eläimen syntymätunnus
- poikimakerta
- poikimapäivämäärä
- tähän poikimiseen liittyvä viimeinen siemennyspäivä
- tyhjäkauden pituus

5.2 Tutkittavat ominaisuudet

Tässä tutkimuksessa käytettiin luokitustiedoista utareeseen liittyviä tietoja: utaremuoto, utarekudos, keskiside, etukiinnitys, etuvedinten sijainti, takakiinnityksen korkeus, takakiinnityksen leveys, takavedinten sijainti ja vedinten pituus. Nämä oli arvioitu asteikolla 1–9. Näiden lisäksi oli tiedossa utareeseen liittyviä virheitä, joita ei voi lineaarisella skaalalla mitata: takaraskas, eturaskas, lyhyt etu-utare, lyhyt takautare, väärä utareen muoto, erikokoinen neljännes, neljännes ummessa, lisävedin varsinaisen vetimen vieressä, etuvetimet liian takana ja takavetimet liian takana. Lisäksi vielä otettiin mukaan utareen yhteenveto-arvio kokonaisutarerakenne. Sen asteikko on 40–97.

Luokituksen tarkoituksena on kuvata, miltä eläin näyttää luokitusajankohtana. Taulukossa 6 on koottuna utareominaisuuksien lineaarinen arvostelu ja siitä selviää, mitä ominaisuuksien biologiset ääripäät asteikolla 1–9 tarkoittavat. Esimerkiksi utarekudosta arvostellaan sen pehmeiden ja joustavuuden mukaan, jolloin arvosana 1 tarkoittaa, että utarekudos on täysin joustamaton lihasutare ja arvosanan 9 utareessa on pehmeä ja joustava utarekudos.

Taulukko 6. Lehmien utareen arvosteltavat ominaisuuksien ja käytetyn asteikon (1–9) ääripäiden kuvailut. (Holstein Canada 2015)

Ominaisuus	Kuvailu	1	9
Utaremuoto	Utareen pohjaa verrataan kintereeseen	syvä	laaka
Utarekudos	Kudoksen pehmeys ja joustavuus	lihasutare	pehmeä
Keskiside	Keskisiteen syvyys koko utareen matkalta	heikko	vahva
Etukiinnitys	Utareen kiinnittyminen vatsaan	heikko	vahva
Etuvedinten sijainti	Vetimien sijainti verrattuna neljänneksen keskiosaan	kaukana	lähellä
Takakiinnityksen korkeus	Maitoa tuottavan kudoksen ja emättimen etäisyys	matala	korkea
Takakiinnityksen leveys	Maitoa tuottavan kudoksen leveys	kapea	leveä
Takavedinten sijainti	Vetimien sijainti verrattuna neljänneksen keskiosaan	kaukana	lähellä
Vedinpituus	Takavedinten keskipituus	lyhyet	pitkät

Eläimien tuotostiedot olivat 305 päivän tuotoksina. Tuotostiedoista käytettiin ainoastaan kokonaisen tuotosvuoden hyväksytyiksi merkityt tulokset. Tiedot sisälsivät maitotuotoksien lisäksi valkuais- ja rasvatuotokset sekä somaattiset soluluvut. Somaattisen soluluvun SCC lisäksi tehtiin somaattisen soluluvun logaritimuunnos SCS, joka jakaantui symmetrisemmin kuin SCC ja teki analyyseissa geneettisten korrelaatioiden estimoinnin mahdolliseksi.

Siemennystiedoissa oli tiineyteen johtanut (viimeinen) siemennyspäivä ja tyhjäkauden pituus, joka oli laskettu siemennyspäivän ja edeltäneen poikimispäivän erotuksena. Poikimistiedoista selvisivät luokiteltujen lehmien kaikki poikimakerrat, poikimapäivämäärät sekä tyhjäkausien pituudet.

Lisäksi aineisto rajattiin niin, että voitiin seurata ennen vuotta 2014 ensimmäisen kerran poikineiden lehmien seuraavia poikimisia. Aineistosta tutkittiin, miten eri tutkittavien ominaisuuksien ensimmäisenä lypsy kautena saamien arvioiden keskiarvot muuttuisivat jatkoon seuraaville tuotokausille valittujen lehmien osalta, eli minkälaiset ensikkolehmät esimerkiksi utarekudoksen laadun suhteen ovat siirtyneet toiselle, kolmannelle ja neljännelle lypsykaudelle.

5.3 Aineiston rajaaminen

Jotta aineisto olisi ilman valinnan vaikutuksia edustuksellinen otos lehmistä, tutkimuksessa käytettiin kerran poikineiden lehmien tietoja. Jos eläimellä oli useampia luokituksia ensimmäisellä kaudella, valittiin näistä lähimpänä ensimmäistä poikimista tehdyn luokituksen tieto. Aineistoa rajattiin niin, että huomioon otettiin vain 2000-luvun puolella syntyneet lehmät. Rajauksen ehtona oli lisäksi se, että lehmät olivat poikineet ensimmäisen kerran 600–1200 päivän iässä. Lehmien luokituksen piti olla tapahtunut viimeistään 500 päivää ensimmäisestä poikimisesta. Eläimillä piti olla myös tuotosseurantaan hyväksytty ensimmäisen laktaation 305-päivän tuotos. Analyysiin otettiin karjat, joissa oli vähintään kaksi lehmää luokitettuna AF-Class-luokituksella. Näiden rajausten jälkeen aineistossa oli 3 303 ayrshirelehmää 177 karjasta.

Vuosina 2010–2013 ensimmäisen kerran poikineet lehmät ovat voineet poikia vähintään neljä kertaa vuoteen 2017 mennessä eli aineiston viimeisen vuoteen mennessä, ellei niitä ole poistettu karjasta aiemmin. Näitä tietoja käytettiin sen seuraamisessa, miten karjanomistajat valitsivat eläimiään seuraaville laktaatioille. Tässä joukossa oli yhteensä 1 866 ensikkoa, joista toiselle poikimiselle selvisi 1 753 eläintä, kolmannelle 1 319 ja neljännelle 825 lehmää.

5.4 Vaihteluun vaikuttavat kiinteät tekijät

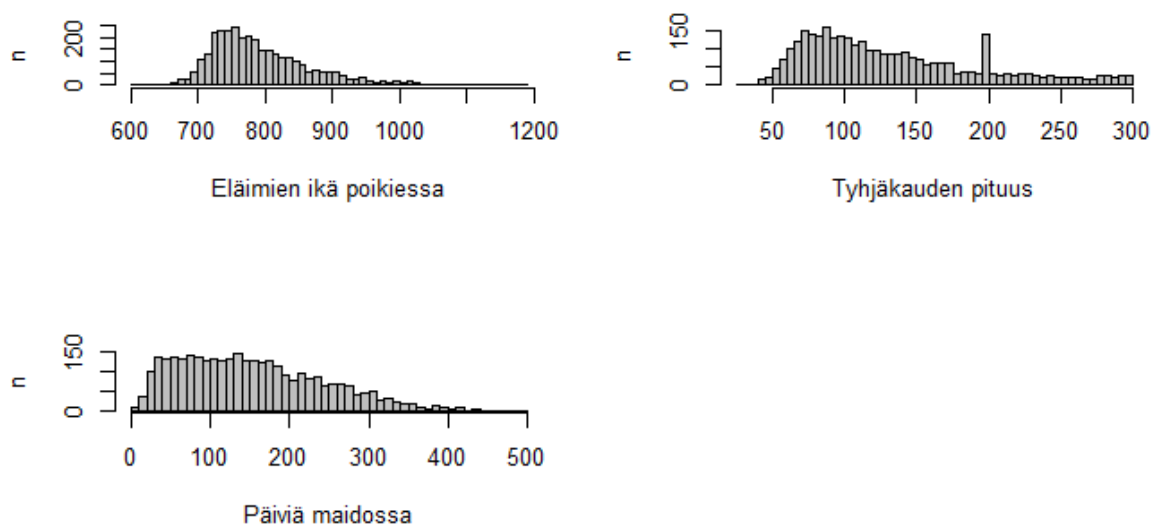
Tilastollisen mallin kiinteitä tekijöitä olivat karja, poikimavuosi, poikimakausi, tyhjäkausi, ikä poikiessa, luokituksen ajankohta.

Eläimien poikimakuukaudet jaettiin neljään vuodenaikaan: talvi (joulukuu-helmikuu), kevät (maaliskuu-toukokuu), kesä (kesäkuu-elokuu) ja syksy (syyskuu-marraskuu). Poikimavuodet kattoivat jakson 2010–2017. Ikä poikiessa, tyhjäkausi ja luokituksen ajankohta poikimisen jälkeen (tai päiviä maidossa) olivat päivinä. Karjoja oli 177, joten eläimiä yhdestä karjasta on luokitettu keskimäärin 19.

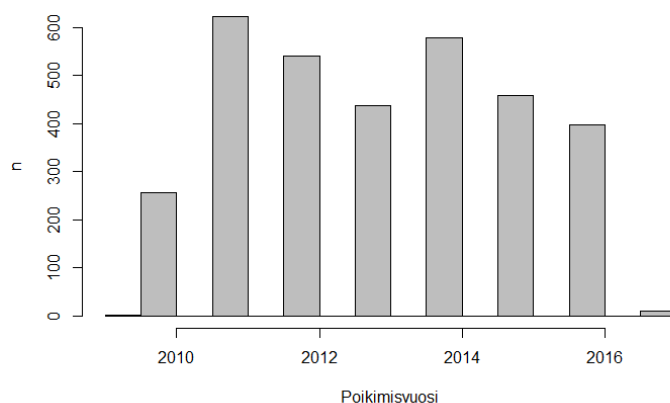
Kuvasta 1 nähdään, että suurin osa eläimistä oli poikanut 700–800 päivän ikäisenä. Tyhjäkauden pituudessa 200 päivän kohdalla on huippu, jonne on siirretty kaikki ne lehmät, joiden tyhjäkauden pituutta ei tunnettu. Nämä olivat todennäköisesti sellaisia, joille ei ole ilmoitettu siemennyspäiviä, koska eläintä ei ole siemennetty tai koska siemennyksiä ei

enää tarvitse ilmoittaa rekisteriin. Keskimääräinen ikä eläimen poikiessa oli 798 päivää, tyhjäkauden pituus oli keskimäärin 135 päivää ja luokituksen ajankohtana oli keskimäärin 153 päivää poikimisesta.

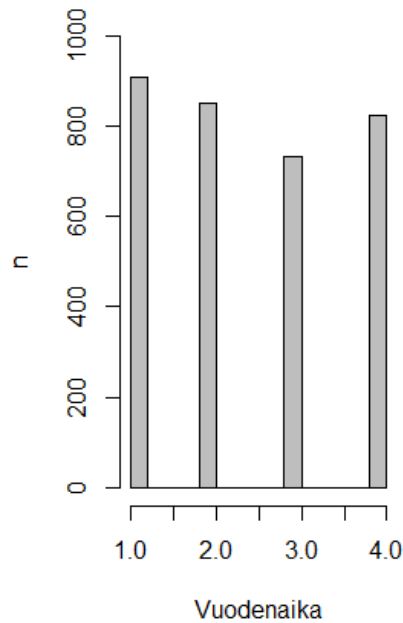
Eläimien ikä poikiessa oli jakaumaltaan oikealle vino (kuva 1). Tyhjäkauden pituudessa ja päiviä maidossa olivat jakautuneet vasemmalle vinoutuneesti. Kuvista 2 ja 3 nähdään, että eläimiä oli poikunut yhtä paljon vuosittain ja vuodenajoittain. Poikkeuksena olivat vaillinaiset vuodet 2010 ja 2017, mitkä kuvastavat luokitusaineiston sähköisen tallennuksen alkua vuonna 2011 ja luokitusaineiston poimintaa tutkimukseen keväällä 2017.



Kuva 1. Jakaumat lehmien iästä poikiessa, tyhjäkauden pituudesta ja päiviä maidossa.



Kuva 2. Luokiteltujen ayrshirelehmien jakauma ensimmäisen laktaation poikimisvuoden mukaan.



Kuva 3. Luokiteltujen ayrshire-ensikoiden poikimisvuodenajan jakauma.

5.5 Tilastolliset menetelmät ja mallit

Aineistoa käsiteltiin R-ohjelmalla (RStudiolla, versio 1.1.383). Kiinteät tekijät analysoitiin lineaarimallilla ja niiden tilastollinen merkitsevyys testattiin F-testillä. Testauksen perusteella luotiin tilastolliset mallit eri ominaisuuksien vaihtelun analysoinnille. Mallissa oli myös regressiomuuttujia. Eri ominaisuuksille tehtiin myös regressiokuvaajat, jotka kertovat, miten paljon ominaisuus muuttuu selittävän tekijän yhtä yksikköä kohden.

Ominaisuuksien perinnölliset vaihtelut laskettiin eläinmallilla, joka ottaa huomioon sukulaisuustiedot yksilöinä. Vanhemmiltaan tuntemattomat yksilöt ovat ns. perustajia (founders), joiden ei oleteta olevan sukua keskenään. Eläinmallissa fenotyyppi y_i selittää kiinteiden tekijöiden vaikutusten, eläimen geneettisen vaikutuksen (jalostusarvon) a_i ja jäännöspoikkeaman ϵ_i avulla. Lisäksi oletetaan, että jalostusarvot ja jäännöspoikkeamat ovat normaalisti jakautuneita. Jalostusarvojoukon kovarianssi on matriisi-merkinnöin $\mathbf{A} \sigma_a^2$ missä \mathbf{A} on yksilöiden sukulaisuuksista tehty sukulaisuusmatriisi ja

σ_a^2 on jalostusarvojen varianssi tai additiivinen geneettinen varianssi. Jäännös-
poikkeamilla oletettiin olevan joka havainnolle sama varianssi ja lisäksi niiden oletetaan
olevan toisistaan riippumattomia, luonnollisesti myös jalostusarvoista riippumattomia.

Varianssikomponentit arvioitiin bayesläisellä menetelmällä, jonka laskenta tehtiin R-oh-
jelmalla MCMCglmm (suomeksi Markov ketju Monte Carlo -menetelmä yleistetylle li-
neaarille sekamallille). Menetelmän esittely seuraa Villemeureuil'in (2012) katsausta.
Menetelmän avulla saadaan parametrin arvioitujen lukemien jakauma, ns. posteriorija-
kauma. Bayesläisen menetelmän priorijakauma määrittää alueen, mistä menetelmä etsii
posteriorijakauman arvioita. Prioreita on erilaisia, mutta mitä kattavampi otoksen koko
on, sitä pienemmäksi priorin rooli muuttuu ratkaisujen löytämisessä. Laskennassa käy-
tettiin vain epäinformatiivisia prioreja, joilla ei ole vaikutusta arvioiden posteriorija-
kaumaan. Jotta posteriorijakaumasta saadaan luotettava, pitää analyysistä saada suuri
määrä riippumattomia parametrin arvioita. Arviot saadaan iteroimalla. Iteraatiokierrok-
sista poimittujen lukemien riippumattomuus ilmaistaan poimintaotosten tehollisena mää-
ränä (ESS, effective sample size). Iteraatiokierroksia pitää olla niin paljon, että ESS on
vähintään 100. Iteraatiosta saatavat arviot tasaantuvat posteriorijakauman vaihteluvälille
iteraation alussa. Tähän kuluvasta kierrosten määrästä käytetään nimitystä burn-in.
Tässä tutkimuksessa burn-in -kierrosten määrä oli 10 % iteraatiokierrosten kokonaismää-
räästä.

Sukupuutiedot järjestettiin ja karsittiin R-ohjelman MasterBayes-, Kinship2- ja MCMC-
glmm-ohjelmistojen orderPed- ja prunePed-komennoilla.

Mallit on tehty kiinteiden tekijöiden merkitsevyydestien jälkeen, taulukoiden 9 ja 10 pe-
rusteella.

$$\text{Tuotosominaisuudet}_i = \mu + \text{karja}_i + \text{poikimisvuosi}_i + \text{vuodenaika}_i + b_1 \text{ poikimaikä}_i + b_2 \text{ poikimaikä}_i^2 + b_3 \text{ tyhjäkausi}_i + \text{eläin}_i + \epsilon_i \quad (1)$$

$$\text{Somaattinen soluluku}_i = \mu + \text{karja}_i + \text{vuodenaika}_i + b_3 \text{ tyhjäkausi}_i + \text{eläin}_i + \epsilon_i \quad (2)$$

$$\text{Utarerakenneominaisuudet}_i = \mu + \text{karja}_i + \text{poikimisvuosi}_i + \text{vuodenaika}_i + b_1 \text{ poikimaikä}_i + b_4 \text{ päiviä maidossa}_i + b_5 \text{ päiviä maidossa}_i^2 + \text{eläin}_i + \epsilon_i \quad (3)$$

Malleissa μ on keskitaso ja b :t ovat regressiokertoimia.

Sukulaistiedot otettiin analyysissä huomioon viimeisestä neljästä sukupolvesta niin, että rakennearvosteltu eläin oli ensimmäisessä sukupolvessa. Alkuperäisessä sukutiedostossa oli 35 793 eläimen tiedot. Kun tutkimukseen valittiin vain ensimmäisen laktaation lehmät aiemmin esitettyjen rajoitusten perusteella (paitsi ne eläimet, joiden DIM luokitusajan kohtana oli > 0 tai < 500 tai tiloilta oli vain yksi eläin luokitettu) ensimmäisessä sukupolvessa oli 3 600 yksilöä. Toisessa sukupolvessa, eli ensimmäisen sukupolven emät ja isät, oli yhteensä 3 478 yksilöä (3 008 emää ja 470 isää), näiden vanhempien sukupolvessa (3.) oli 2 204 emää ja 459 isää (2 663 yhteensä) ja neljännessä polvessa oli yhteensä 2 639 yksilöä (2 183 emää ja 456 isää). Neljän ensimmäisen sukupolven yhdistämisen (ja duplikaattien poiston) jälkeen sukupuutiedostossa oli eläimiä 8 497.

Kestävyyteen (tai lehmien karsintaan) vaikuttavia tekijöitä testattiin lineaarimallilla F-testillä niin, että ennen vuotta 2014 poikineiden lehmien poikimakerrat poimittiin. Poikimakertojen määrän vaihtelua selitettiin ensimmäisen lypsykauden tuloksilla, jotka olivat mallissa regressiomuuttujina. Ensin testattiin, miten eri ominaisuudet vaikuttivat maidon ja soluluvun lisäksi vaihteluun mallilla:

$$\text{Poikimakertojen määrä}_i = \mu + \text{poikimavuosi}_i + \text{karja}_i + b_6 \text{ maito}_i + b_7 \text{ SCS}_i + b_n \text{ ominaisuus}_i \quad (4)$$

ja sitten toisella mallilla, jossa selittävinä tekijöinä olivat alustavasti maitotuotos, soluluku ja utarekudos:

$$\text{Poikimakertojen määrä}_i = \mu + \text{poikimavuosi}_i + \text{karja}_i + b_6 \text{ maito}_i + b_7 \text{ SCS}_i + b_8 \text{ utarekudos}_i + b_n \text{ ominaisuus}_i \quad (5)$$

6 TULOKSET

6.1 Tutkittavien ominaisuuksien keskiarvot ja vaihtelu

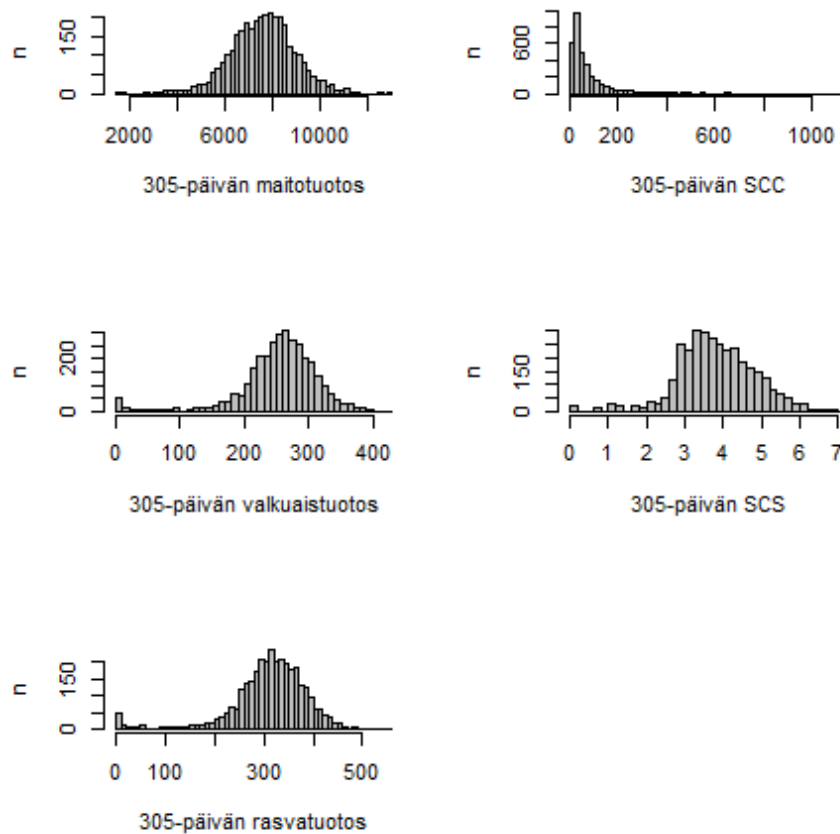
Taulukosta 7 selviävät ensimmäisen laktaation 305-päivän tuotosten keskiarvot, minimi, maksimit ja keskihajonnat. Pitoisuuksien ja solulukujen minimi ovat nolliä, sillä niistä

puuttuu tietoja. Maitotuotoksen vaihtelukerroin (keskihajonta / keskiarvo) on 17,3, valkuaistuotoksen 25,5, rasvatuotoksen 26,2, SCC 129,8 ja SCS 27,1. Kuvasta 4 voidaan havaita, että maito-, valkuais- ja rasvatuotosten jakaumat ovat symmetrisiä ja lähellä normaalijakaumaa. Somaattinen soluluku SCC ei jakaudu normaalisti, mutta sen logaritminen soluluku SCS on edellisten tapaan lähellä normaalijakaumaa.

Taulukko 7. Tutkittujen lehmien ensimmäisen laktation tuotosominaisuuksien keskiarvot, minimiarvot ja maksimiavot sekä keskihajonnat. Tuotokset olivat 305-päivän tuotoksia.

	minimi	keskiarvo	maksimi	σ
Maitotuotos	1595	7589	12910	1311
Valkuaistuotos	0	253	421	64
Rasvatuotos	0	311	553	82
SCC	1	76	1130	99
SCS	0,00	3,80	7,00	1,03

Jokaisessa utarerakenneominaisuuksissa minimiarvo oli 1 ja maksimiavro oli 9, paitsi etuvedinten sijainnin maksimiavro oli 8. Ne ominaisuudet, joiden optimi on keskiarvoinen, olivat utaremuoto, etuvedintensijainti, takavedinten sijainti ja vedinpituus. Ne ominaisuudet, joiden optimi oli lähellä toista biologista ääripäätä, olivat utarekudos, keskiside, etukiinnitys, takakiinnityksen leveys ja korkeus. Suurin vaihtelukerroin oli vedinpituudella 31,9 ja pienin kokonaisutarerakenteella 5,8. Utarekudoksen vaihtelukerroin oli 14,3.

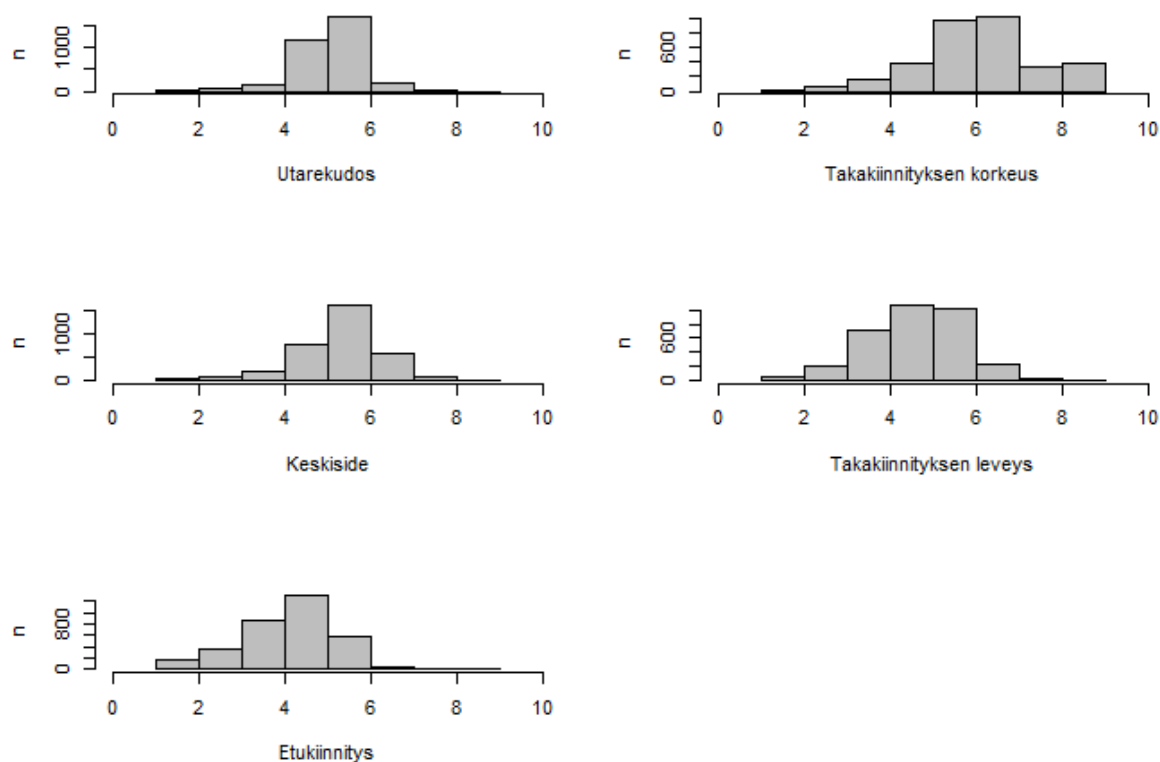


Kuva 4. Luokiteltujen ayrshirelehmien 305 päivän maito-, valkuais- ja rasvatuotosten jakauma sekä SCC- ja SCS-tietojen jakauma.

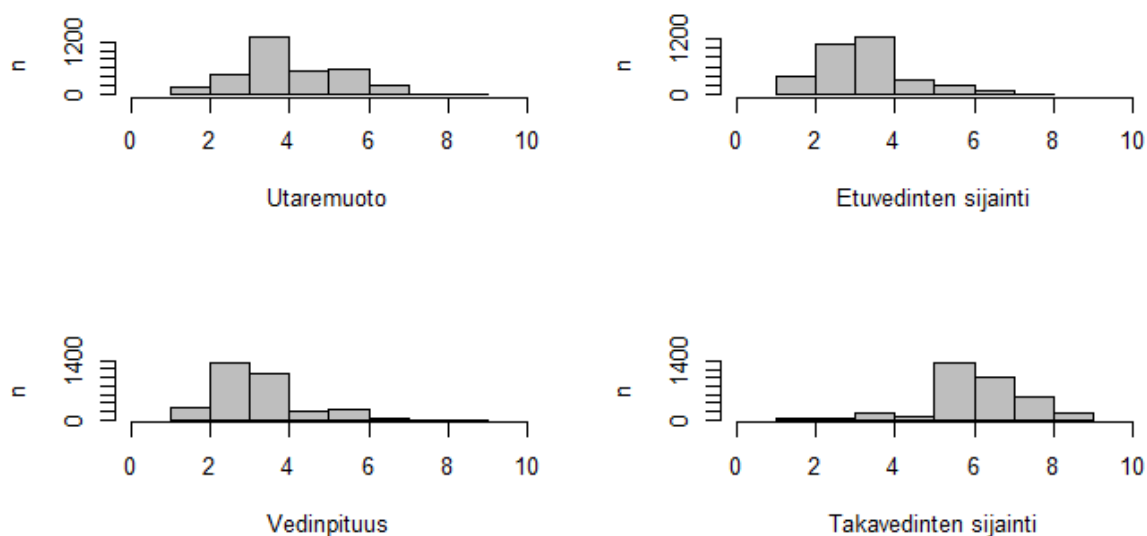
Utarerakenteen eri ominaisuuksien arviot olivat melko normaalisti jakautuneita (kuva 5 ja 6), vaikka ominaisuuksien optimiarvot olivat erilaisia eri ominaisuuksissa, esimerkiksi utarekudoksen optimiarvo on 9 ja utaremuodon optimiarvo on 5–6. Takakiinnityksen korkeudella on eniten havaintoja luokassa 7, utarekudoksella, keskisiteellä ja takavetimien sijainnilla luokassa 6, etukiinnityksellä ja takakiinnityksen leveydellä luokassa 5, etuveitimien sijainnilla ja utaremuodolla luokassa 4 ja vedinpituudella luokassa 3.

Taulukko 8. Tutkittavien ominaisuuksien minimiarvot, maksimiarvot, keskiarvot ja keskihajonnat. Rakenneominaisuudet on arvioitu asteikolla 1–9 ja kokonaisutarerakenne asteikolla 40–97 muodostuen eri utarerakenneominaisuuksien pisteistä ja painotuksista.

	minimi	keskiarvo	maksimi	σ
Utaremuoto	1	4,48	9	1,38
Utarekudos	1	5,55	9	0,79
Keskiside	1	5,77	9	1,01
Etukiinnitys	1	4,59	9	1,13
Etuvedinten sijainti	1	3,71	8	1,17
Takakiinnityksen leveys	1	5,09	9	1,12
Takakiinnityksen korkeus	1	6,60	9	1,41
Takavedinten sijainti	1	6,60	9	1,12
Vedinpituus	1	3,70	9	1,18
Kokonaisutare	40	77,40	85	4,50



Kuva 5. Utarekudoksen, keskisiteen, etukiinnityksen, takakiinnityksen korkeuden ja leveyden jakaumat asteikoilla 1–9. Kaikkien ominaisuuksien optimit ovat 9.



Kuva 6. Utaremuodon, vedinpituuden, etuvedinten ja takavedinten sijainnin jakaumat asteikolla 1–9. Kaikkien ominaisuuksien optimit ovat 5 tai 6.

6.2 Tutkittavien ominaisuuksien selittävät tekijät

Taulukossa 9 on esitetty maidontuotanto-ominaisuuksien mallin merkitsevät kiinteät tekijät. Näiden lisäksi testattiin eri tekijöiden yhteisvaikutuksia ja tyhjäkauden neliö, mutta ne eivät olleet tilastollisesti merkitseviä missään ominaisuudessa. Tuotosominaisuuksille ja soluluvulle tehtiin analyysin perusteella omat tilastolliset mallit vaihtelun analysoimiseen.

Taulukko 9. Ayrshirelehmien maidontuotanto-ominaisuuksien kiinteiden tekijöiden merkitsevyydet ja luokiteltujen tekijöiden alaluokkien määrä.

	vuodenaika	poikimisvuosi	ikä poikiessa	ikä poikiessa ²	tyhjäkausi	karja
Alaluokat	4	8	(regressio)	(regressio)	(regressio)	177
Maitotuotos	**	***	**	*	***	***
Valkuaistuotos	**	***			***	***
Rasvatuotos	*	***	.		***	***
SCC	.				.	***
SCS	*					***

merkitsevyydet: *** 0,001; ** 0,01; * 0,05; . 0,1; (tyhjä) ei-merkitsevä

Taulukko 10. Ayrshirelehmien utarerakenneominaisuuksien kiinteiden tekijöiden merkitsevyydet ja luokiteltujen tekijöiden alaluokkien määrä.

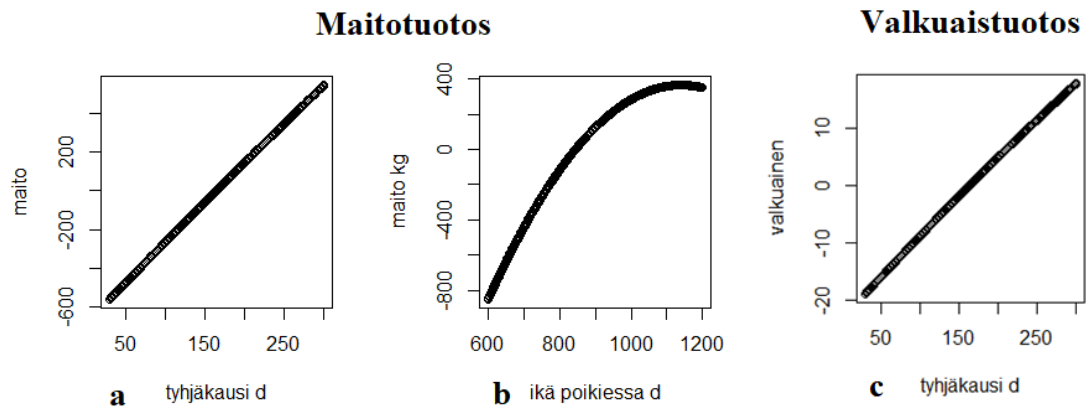
	poikimis- vuosi	vuoden- aika	ikä (regres- sio)	ikä ² (regres- sio)	päiviä maidossa (regres- sio)	päiviä maidossa ² (regres- sio)	karj a
Alaluokat	8	4					177
Utaremuoto	***	.			***	*	***
Utarekudos	***				***	.	***
Keskiside	*		*	.	***	*	***
Etukiinnitys	***	***			.	*	***
Etuviedintien si- jainti	***	*			***		***
Takakiinnityksen leveys	***						***
Takakiinnityksen korkeus	***				*	.	***
Takavedintien si- jainti	***				***	*	***
Vedinpituus	***		.		***	**	***
Kokonaisutarera- kenne	***	***			.		***

merkitsevyydet: *** 0,001; ** 0,01; * 0,05; . 0,1; (tyhjä) ei-merkitsevä

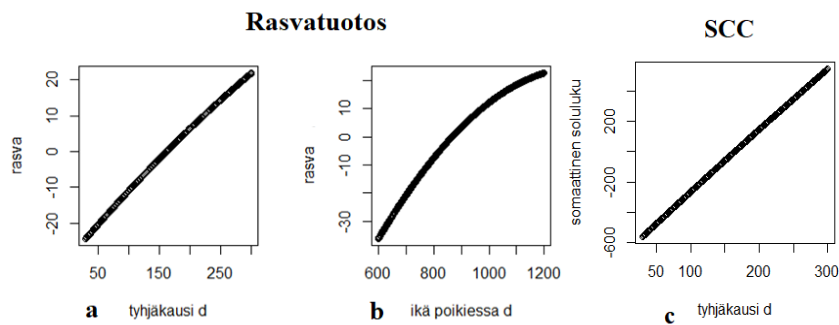
Taulukosta 10 selviää utarerakenneominaisuuksien mallin (3) kiinteiden tekijöiden tilastollisesti merkitsevät tekijät. Utarerakenneominaisuuksien vaihtelun yhteydessä testattiin myös eri tekijöiden yhteisvaikutukset, mutta ne eivät olleet merkitseviä. Ikä poikiessa oli merkitsevä tekijä ($P < 0,05$) muutamissa ominaisuuksissa, mutta sitä ei otettu malliin mukaan, koska merkitsevyys oli pienempi verrattuna vuodenajan merkitsevyyteen.

Kuvasta 7 nähdään, että ensimmäisen laktation maitotuotos on suurempi, mitä myöhemmin poikimisen jälkeen lehmä tiinehtyy. Mitä vanhempana lehmä poikii ensimmäisen kerran, sitä suurempi maitotuotos on, kunnes alkaa vähentyä, kun poikimisikä on yli 1 100 päivää. Keskiarvoiseen tuotokseen ovat päässeet lehmät, joiden tyhjäkausi on ollut noin 150 päivää ja jotka ovat olleet noin 800 päivän ikäisiä poikiessaan.

Kuvan 7 valkuaistuotoksen regressiokuvaaja kertoo, että valkuaistuotos on suurempi, mitä pidemmäksi tyhjäkausi muodostuu. Keskimääräiseen valkuaistuotokseen ovat lypsäneet lehmät, joiden tyhjäkausi on ollut noin 150 päivää.



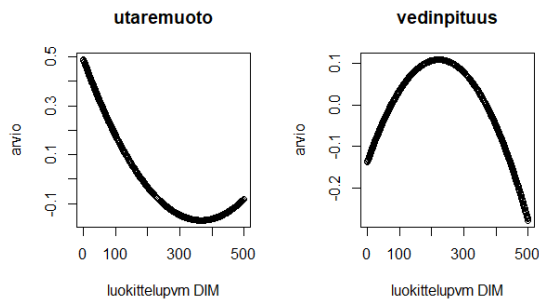
Kuva 7. Ayrshirelehmien maitotuotoksen (a ja b) ja valkuaistuotoksen (c) vaihtelun tilastollisissa mallissa olevien tyhjäkauden ja poikimäiän (molemmissa d päivää) regression kuvaajat. Kumpikin tuotos Y-akselilla on poikkeama keskiarvosta.



Kuva 8. Ayrshirelehmien rasvatuotoksen (a ja b) ja somaattisen soluluvun SCC (c) vaihtelun tilastollisissa mallissa olevien tyhjäkauden ja poikimäiän (molemmissa d päivää) regression kuvaajat. Kumpikin tuotos Y-akselilla on poikkeama keskiarvosta.

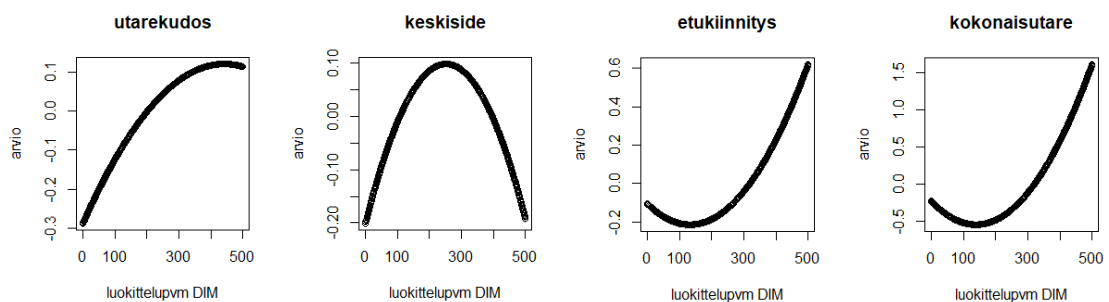
Ensikon rasvatuotos nousee mitä pidemmäksi tyhjäkausi pitenee (kuva 8). Rasvatuotos nousee myös silloin, kun ikä poikiessa nousee, mutta alkaa tasoittua 1 000 päivän jälkeen. 150 päivän tyhjäkauden ja noin 800 päivän ikäisiä poikineilla lehmillä on keskimääräinen ensimmäisen kauden rasvatuotos.

Kuvasta 8 nähdään, että näillä ensikoilla somaattinen soluluku nousee mitä pidemmäksi tyhjäkausi pitenee, samoin mitä vanhempana lehmä poikii, tasoittuen kuitenkin 1 100 päivän kohdalla. Keskimääräinen soluluku on lehmillä, joiden tyhjäkauden pituus on noin 150 päivää ja niillä, jotka ovat poikineet noin 900 päivän ikäisiä ensimmäisen kerran.



Kuva 9. Utaremuodon ja vedinpituuden arvioinnin riippuvuus luokittelupäivän (DIM päiviä maidossa) regressiona. Y-akselilla on ominaisuuden poikkeama keskiarvosta.

Kuva 9 osoittaa, että utaremuoto on syvämpi, mitä enemmän päiviä on poikimisesta 350 päivään asti, silloin taas muoto alkaa nousta. Vedinpituus taas on pitempi 150 päivään asti, jolloin vedinten pituus on lyhyempi, mitä pidempi aika luokituksen ja ensimmäisen poikimisen välille muodostuu. Utaremuodon keskiarvon ovat saaneet lehmät, joiden poikimisesta on aikaa noin 100 päivää, sanoin vedinpituudessa.

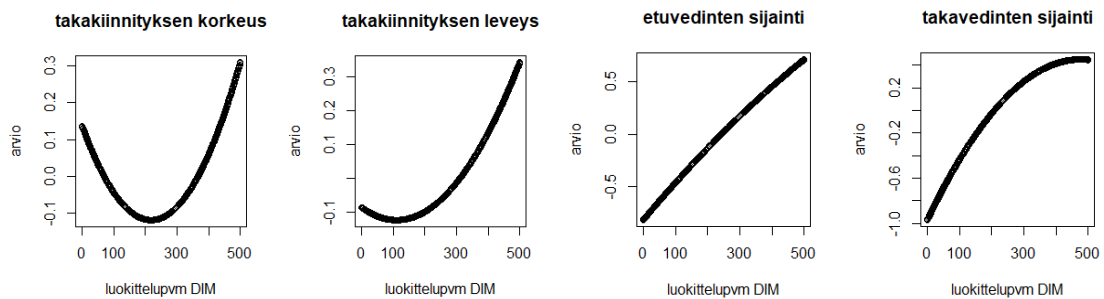


Kuva 10. Ayrshirelehmien utarekudoksen, utareen keskisiteen, etukiinnityksen ja kokonaisutaren arvostelulukeman riippuvuus ilmaistuna luokittelupäivän (DIM päiviä maidossa) regressiona. Y-akselilla on ominaisuuden poikkeama keskiarvosta.

Kuvan 10 kuvaajista nähdään, että utarekudoksen arvio on suurempi eli utarekudos on elastisempi, mitä enemmän päiviä on poikimisesta, mutta tasoittuu 400 päivän kohdalla.

Keskisiteen arvio paranee 250 päivään saakka, kunnes arvio alkaa pienentyä. Utarekudoksen arviosta keskimääräisen saa lehmä, jonka poikimisesta on kulunut noin 200 päivää, ja keskisiteestä keskimääräisen, kun poikimisesta on kulunut noin 100 päivää.

Etukiinnityksen luokitus on huonompi 120 päivään asti, kunnes arvio alkaa nousta eli, mitä pidempi aika luokituksen ja poikimisen välillä on (kuva 10). Kokonaisutarerakenteen regressiokuvaaja käyttäytyy samalla tavoin. Keskimääräisen arvion etukiinnityksestä ja kokonaisutarerakenteesta saavat lehmät, joilla poikimisesta on kulunut aikaa noin 150 päivää luokitusajankohtana.



Kuva 11. Ayrshirelehmien utareen takakiinnityksen korkeuden, takakiinnityksen leveyden sekä etu- ja takavedinten sijainnin arvostelupisteen riippuvuus ilmaistuna luokittelu-päivän (DIM päiviä maidossa) regressiona. Y-akselilla on ominaisuuden poikkeama keskiarvosta.

Kuvasta 11 selviää, että takakiinnityksen korkeus lyhenee 200 päivään asti poikimisesta, kunnes takakiinnityksen korkeus alkaa pidentyä. Takakiinnityksen leveys on lähes tasainen ensimmäiset 100 päivää poikimisesta, kunnes kiinnitys alkaa leventyä mitä pidempi aika poikimisesta on. Takakiinnityksen korkeudesta ja takakiinnityksen leveydestä keskimääräiset arviot ovat saaneet lehmät, joilla poikimisesta on kulunut aikaa noin 100 päivää.

Kuvan 11 mukaan etuvedinten sijainnin arvio nousee eli etuvedimet ovat sijoittuneena lähempänä toisiinsa nähden mitä pidempi aika poikimisesta on. Takavedimet lähentyvät 400 päivään asti. Keskimääräisen etuvedinten ja takavedinten sijainnin luokituksen ovat saaneet lehmät, joiden poikimisesta on kulunut aikaa noin 200 päivää.

6.3 Tutkittavien ominaisuuksien periytymisasteiden arviot

Periytymisaste laskettiin kaavan 6 mukaan. Periytymisaste on additiivinen geneettisen vaihtelun (σ_a^2) osuus kokonaisvaihtelusta ($\sigma_a^2 + \sigma_e^2$).

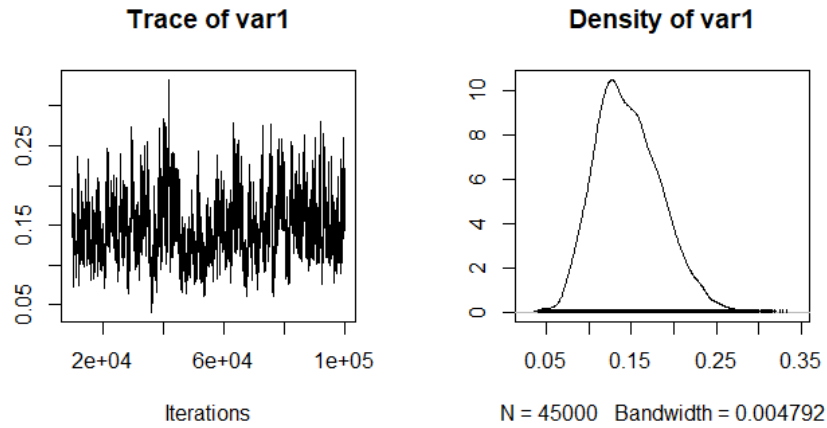
$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad (6)$$

Taulukosta 11 selviävät tutkittavien ominaisuuksien periytymisasteet, jotka vaihtelivat matalasta korkeaan. Tuotosominaisuudet olivat periytymisasteiltaan keskitasoisia, soluluvun periytymisaste taas matala. Utarerakenneominaisuuksien periytymisasteet olivat keskitasoisista korkeaan. Korkeita (>0,40) periytymisasteita oli etuvedinten sijainnilla, utaremuodolla ja vedinpituudella. Estimaattien keskihajonnat kaikissa ominaisuuksissa olivat samansuuruisia, 0,03–0,06. Efektiivisten otosten määrä eläin- ja ympäristökomponenteissa oli kaikkien periytymisasteiden laskemisissa yli 100.

Taulukko 11. Ayrshirelehmien ominaisuuksien periytymisasteen keskiarvo h^2 ja sen posteriorijakauman keskihajonta (σ), 95 %:n luottamusalue sekä geneettisen- ja ympäristökomponentin posteriori-jakauman otoksen efektiivinen koko (ESS).

	h^2	σ	95 % luottamusalue		ESS	
			alaraja	yläraja	eläin	ympäristö
Maitotuotos	0,34	0,046	0,250	0,434	113,0	174,8
Valkuaistuotos	0,26	0,039	0,193	0,342	127,8	239,4
Rasvatuotos	0,24	0,038	0,159	0,309	111,7	215,0
SCC	0,08	0,043	0,000	0,154	120,9	165,0
SCS	0,10	0,037	0,033	0,168	121,7	202,1
Utaremuoto	0,44	0,061	0,312	0,555	116,5	138,7
Utarekudos	0,15	0,039	0,077	0,222	149,4	248,3
Keskiside	0,16	0,044	0,078	0,248	134,3	211,4
Etukiinnitys	0,13	0,035	0,071	0,207	127,4	249,1
Etuvedinten sijainti	0,41	0,058	0,294	0,523	299,6	368,7
Takakiinnityksen korkeus	0,18	0,038	0,103	0,251	130,6	251,2
Takakiinnityksen leveys	0,24	0,048	0,141	0,327	105,0	165,9
Takavedinten sijainti	0,33	0,053	0,225	0,426	198,5	276,1
Vedinpituus	0,47	0,056	0,360	0,579	281,8	322,8
Kokonaisutarerakenne	0,21	0,050	0,120	0,309	127,6	194,4

Utarekudoksen periytymisaste oli 0,15, posteriori-jakauman 95 %:n luottamusalue oli 0,077–0,222 ja sekä eläin- että ympäristökomponentin ESS > 100. Utarekudoksen periytymisasteen posteriorijakauma oli muodoltaan kapea ja symmetrinen (kuva 12), mikä kertoo tuloksen hyvästä luotettavuudesta. Muiden ominaisuuksien osalta periytymisasteiden posteriorijakaumat olivat samansuuntaisia utarekudoksen posteriorijakauman kanssa, periytymisasteiden posteriorijakaumat olivat kapeita ja symmetrisiä.



Kuva 12. Luokitettujen ayrshirelehmien utarekudoksen periytymisasteen arvojen posteriorijakauma (oikealla), joka koostuu iteraatioprosessista (vasemmalla) poimituista arvoista.

6.4 Utarekudoksen geneettiset korrelaatiot

Geneettinen korrelaatio $r_{G_{12}}$ ominaisuuksien 1 ja 2 välillä lasketaan kaavalla 7, jossa $\sigma_{G_1G_2}$ on ominaisuuksien välinen geneettinen kovarianssi ja $\sigma_{G_i}^2$ on ominaisuuden i geneettinen varianssi.

$$r_{G_{12}} = \frac{\sigma_{G_1G_2}}{\sqrt{\sigma_{G_1}^2 \sigma_{G_2}^2}} \quad (7)$$

Ympäristöpoikkeamien (residuaalinen) korrelaatio lasketaan ominaisuuksien 1 ja 2 välillä kaavalla 8, jossa $\sigma_{E_1E_2}$ on ominaisuuksien välinen ympäristöpoikkeaminen kovarianssi ja $\sigma_{E_i}^2$ on ominaisuuden i ympäristöpoikkeamien varianssi.

$$r_{E_{12}} = \frac{\sigma_{E_1 E_2}}{\sqrt{\sigma_{E_1}^2 \sigma_{E_2}^2}} \quad (8)$$

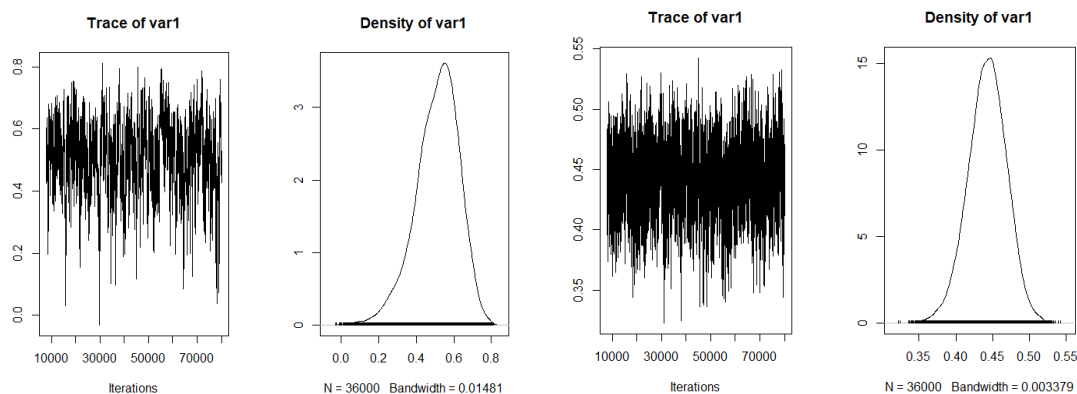
Utarekudos oli negatiivisesti geneettisesti korreloitunut tuotosominaisuuksien kanssa (taulukko 12). Arvot olivat keskimääräisiä, -0,36 – -0,34. Ympäristöpoikkeamien korrelaatiot olivat nollia. Somaattisen soluluvun logaritmuunnoksen ja utarekudoksen välillä geneettinen korrelaatio (0,02) sai 0:n sisältävän luottamusalueen, samoin kuin sama ympäristökorrelaatio. Nämä korrelaatiot eivät ole 'tilastollisesti merkitseviä' eli ovat nollia.

Utarerakenneominaisuuksien kanssa utarekudos oli positiivisesti geneettisesti korreloitunut (taulukko 12). Ainoa poikkeus oli takakiinnityksen leveys, johon geneettinen korrelaatiota oli nolla. Korkeimpia arvoja (0,45–0,51) saivat utaremuoto, keskiside ja kokonaisutarerakenne. Yksittäisistä ominaisuuksista utarekudoksella ja keskisiteellä oli korkein geneettinen korrelaatio (0,51 ja 95 %:n luottamusalueella 0,275–0,728). Kahden ominaisuuden analyyseissä käytettiin iteraatiokierroksia niin paljon, että ESS > 100 oli sekä eläinkomponenteilla että ympäristökomponenteilla. Matalimmat positiiviset geneettiset korrelaatiot olivat vedinpituuden, takakiinnityksen korkeuden ja takavedinten sijainnin kanssa, 0,07–0,26. Utarekudoksen ja muiden utarerakenneominaisuuksien väliset ympäristöpoikkeamien korrelaatiot vaihtelivat 0–0,47. Korkeimmat arvot ympäristökorrelaatiot utarekudoksen kanssa saivat kokonaisutarerakenne 0,47 ja keskiside, 0,44.

'Tilastollisesti merkitsevien' geneettisten korrelaatioiden posteriorijakaumien keskihajonnat olivat saman suuruisia, 0,11–0,14, vastaavien ympäristöpoikkeamien korrelaatioiden vielä näitä pienempiä (0,03 – 0,04). Efektiivisten otosten määrä eläinkomponenteissa ja ympäristökomponenteissa oli kaikissa yli 100. sekä geneettisten että jäännöstekijöiden korrelaatioiden posteriorijakaumat olivat kapeita ja symmetrisiä (kuva 13).

Taulukko 12. Utarekudoksen ja muiden tutkittavien ominaisuuksien väliset geneettisten vaikutusten ja jäännöspoikkeamien keskimääräiset korrelaatiot, posteriorijakauman keskihajonta (σ), niiden 95 % luottamusalueet ja otoksen efektiivinen koko (ESS). Nollan (0) sisältävät 95 %:n luottamusalueet ovat kursivoidulla fontilla, tummennetulla fontilla merkitsevät korrelaatiot (luottamusalue ei sisällä nollaa).

	geneettinen korrelaatio		95 % luottamusalue		jäännös-poikkeamien		95 % luottamusalue		ESS	
		σ	alaraja	yläraja	korrelaatio	σ	alaraja	yläraja	eläin	ympäristö
Maitotuotos	-0,34	0,125	-0,573	-0,093	0,06	0,039	-0,016	0,134	159,6	273,8
Valkuaistuotos	-0,36	0,125	-0,601	-0,126	0,03	0,034	-0,033	0,100	123,6	222,0
Rasvatuotos	-0,36	0,129	-0,609	-0,114	0,03	0,033	-0,032	0,100	141,6	253,4
SCS	0,02	0,151	-0,264	0,323	-0,03	0,030	-0,093	0,023	186,2	360,1
Utaremuoto	0,45	0,113	0,215	0,643	0,19	0,040	0,114	0,270	122,9	165,7
Keskiside	0,51	0,117	0,275	0,728	0,44	0,026	0,389	0,493	167,2	287,4
Etukiinnitys	0,29	0,137	0,023	0,547	0,24	0,028	0,188	0,297	126,3	220,6
Etuviedinten sijainti	0,40	0,109	0,185	0,615	0,04	0,045	-0,051	0,126	171,8	263,4
Takakiinnityksen korkeus	0,24	0,141	-0,031	0,504	0,17	0,031	0,113	0,233	151,2	272,1
Takakiinnityksen leveys	0,00	0,142	-0,263	0,292	0,11	0,035	0,038	0,177	137,4	200,3
Takavedinten sijainti	0,26	0,126	0,029	0,509	0,21	0,038	0,132	0,278	146,3	238,2
Vedinpituus	0,07	0,123	-0,189	0,293	0,03	0,045	-0,054	0,123	169,8	253,4
Kokonaisutarerakenne	0,52	0,121	0,294	0,761	0,47	0,028	0,417	0,525	153,6	227,6



Kuva 13. Vasemmalla luokitettujen ayrshirelehmien utarekudoksen ja keskisiteen geneettisen korrelaation arvojen posteriorijakauma (oikealla), joka koostuu iteraatioprosessista (vasemmalla) poimituista arvoista. Oikealla on sama utarekudoksen ja keskisiteen ympäristöpoikkeamin korrelaatiolle.

6.5 Kestävyyteen vaikuttavat tekijät

Lehmien kestävyyttä (tai karsintaa) tutkittiin selittävinä tekijöinä ensimmäisen lypsykauden tulokset. Kestävyyttä mitattiin poikimakertojen määrällä. Lehmät olivat poikineet keskimäärin 3,36 kertaa ja korkein poikimakerta oli 7. Poikimakertojen määrään tilastollisesti vaikuttavia tekijöitä utarerakenneominaisuuksista olivat taulukon 13 mukaan kaikki paitsi etukiinnitys sekä etuvedinten ja takavedinten sijainti.

Taulukko 13. Lehmän poikimakertojen määrään vaikuttavat tekijät, niiden merkitsevyys ja vaihtelun selitysaste.

malli	poikima- vuosi	karja	maito	SCS	ominai- suus	seli- tysaste
utaremuoto	***	***	***	.	**	0,1794
utarekudos	***	***	**	.	*	0,1779
keskaside	***	***	**	.	***	0,1819
etukiinnitys	***	***	**	.		0,1765
etuvedinten sijainti	***	***	**	.		0,1753
takakiinnityksen korkeus	***	***	**	.	*	0,1779
takakiinnityksen leveys	***	***	*	.	*	0,1785
takavedinten sijainti	***	***	**	.		0,1763
vedinpituus	***	***	**	.	.	0,1767
utarerakenne	***	***	**	.	***	0,1857

merkitsevyydet: *** 0,001; ** 0,01; * 0,05; . 0,1; (tyhjä) ei-merkitsevä

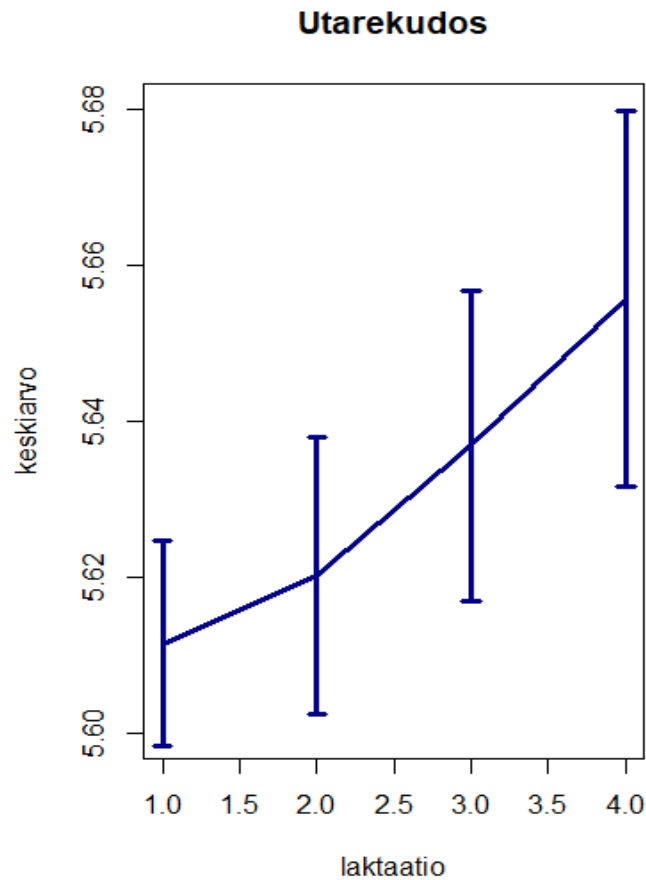
Taulukko 14. Lehmän poikimakertojen määrään vaikuttavat tekijät, niiden merkitsevyys ja vaihtelun selitysaste.

malli	poikima- vuosi	karja	maito	SCS	utareku- dos	ominai- suus	seli- tysaste
utaremuoto	***	***	***	.		*	0,1806
keskaside	***	***	**	.		**	0,1821
etukiinnitys	***	***	**	.	*		0,1784
etuviedinten sijainti	***	***	**	.	*		0,1782
takakiinnityksen kor- keus	***	***	**	.	.	.	0,1797
takakiinnityksen le- veys	***	***	**	.	*	*	0,1797
takavedinten sijainti	***	***	**	.	*		0,1782
vedinpituus	***	***	***	.	*	.	0,1796
utarerakenne	***	***	**	.		***	0,1857
valkuainen	***	***	.	.	*		0,1780
rasva	***	***	.	.	*		0,1781

merkitsevyydet: *** 0,001; ** 0,01; * 0,05; . 0,1; (tyhjä) ei-merkitsevä

Kun utarekudos on mallissa mukana, merkitsevinä tekijöinä utarekudoksen kanssa olivat takakiinnityksen korkeus sekä leveys ja vedinpituus. Utarerakenneominaisuuksista pelkästään utarekudos vaikutti kestävyYTEEN, kun mallissa oli lisäksi etukiinnitys sekä etuviedinten ja takavedinten sijainti. Kun utarekudoksen sisältävään malliin sisällytettiin tuotosominaisuuksista valkuainen ja rasva, ne eivät saaneet merkitsevyyttä vaan utarekudos selitti maksimipoikimakertaa. Kun utarekudoksen malliin sisällytettiin utaremuoto, keskaside tai kokonaisutarerakenne, ei utarekudos selittänyt maksimipoikimakertaa.

Lehmistä oli ensimmäisen lypsykauden arvio utarekudoksesta. Tarkastelemalla seuraaville lypsykausille selvinneiden lehmien utarekudosarviota saadaan käsitys utarekudoksesta karsintakriteerinä tai toisaalta kestävyYDEN indikaattorina. Poikimakerroittain ensimmäiseltä kaudelta peräisin oleva utarekudoksen fenotyypin arvon keskiarvo nousi. Näiden keskiarvojen keskivirhe myös nousi, sillä lehmien lukumäärä väheni. Ensimmäisen ja neljännen poikimisen välillä poistui, tai ei muuten kerennyt poikia neljättä kertaa, yli 1 000 lehmää. Verrattuna ensimmäiseen poikimiseen, valittujen lehmien ensimmäisen laktation luokituksen utarekudoksen arvio nousi 0,05 yksikköä, joka tarkoittaa noin 1 %:a. .



Kuva 14. Utarekudoksen ensimmäisenä lypsy kautena saadun arvion keskiarvon ja keski-
virheen kehittyminen seuraaville laktatioille siirtyneistä lehmistä, jotka ovat poikineet
ensimmäisen kerran ajanjaksolla 2010–2013.

Kuva 14 havainnollistaa utarekudosarvion keskiarvon ja keskivirheen nousua. Ensimmäi-
sen ja neljännen poikimisen keskiarvon keskivirheet eivät ole limittäin. Kokonaisutarera-
kenteessa, maitotuotoksessa, valkuaistuotoksessa ja rasvatuotoksessa oli eroa ensimmäi-
sen ja neljännen poikimisen lehmien keskiarvoilla ja niiden keskivirheillä (tuloksia ei
näytetty).

7 TULOSTEN TARKASTELU

7.1 Aineistot

Suomen Ayrshirekasvattajat ry:lta saatu aineisto oli geneettisen vaihtelun analysoinnin kannalta pienehkö. Tuotosominaisuuksien periytymisasteiden arviot olivat kuitenkin samaa tasoa verrattuna NAVin (2017) laskemiin periytymisasteisiin, jonka perusteella indeksejä lasketaan Pohjoismaissa. Maitotuotoksen periytymisaste on 0,41, valkuaistuotoksen 0,35 ja rasvatuotoksen 0,41, kun tässä tutkimuksessa periytymisasteiksi saatiin 0,36, 0,26 ja 0,24. Kaikkien ominaisuuksien periytymisasteiden posteriorijakaumat olivat kapeita ja symmetrisiä. Perinteisen tilastotieteen käsitteitä käyttäen näiden estimaattien keskivirheet olivat pieniä, kun posteriori-jakaumien keskihajonnat olivat maitotuotoksella 14 %, valkuaistuotoksella 15 % ja rasvatuotoksella 16 % parametrien estimaatteina käytetyistä posteriori-jakaumien keskiarvoista. Saatavilla oleva aineisto näyttää näiden tulosten valossa riittävän suurelta ja rakenteeltaan sopivalta geneettisen analyysin tekemiseen. Tätä luultavasti edisti se, että Faba osk:n aineistot kiinteinä tekijöinä käytetyistä tiedoista olivat kattavat, samoin kuin sukupuutiedot niistä lehmistä, jotka olivat Ayrshirekasvattajien aineistossa.

Kaiken aineiston rajauksen jälkeen a tilaa kohden tarkastellulla jaksolla oli keskimäärin luokitettu 19 ensikkoo. On todennäköistä, että AF-Class-luokitusta varten eläimiin oli tehty valintaa jo tilatasolla. Yleisesti ottaen yhdistyksen luokituspalvelulla ei luokiteta automaattisesti kaikkia eläimiä, vaan vain ne eläimet, jotka karjanomistaja itse valitsee luokitettavaksi – ne eläimet, joista jätetään jälkeläisiä tai ovat suvultaan mielenkiintoisia omistajan mielestä. Toisaalta, yhdistyksen aineistoa oli eri vuosilta ja eläimet olivat jakautuneet tasaisesti, esimerkiksi poikimavuosien, tuotoksen ja utarerakenneominaisuuksien suhteen.

Tutkittavia ominaisuuksia oli 15: maito-, valkuais- ja rasvatuotokset, SCC, SCS, utaremuoto, utarekudos, keskiside, etukiinnitys, etuvedinten sijainti, takakiinnityksen leveys, takakiinnityksen korkeus, takavedinten sijainti, vedinpituus ja kokonaisutarerakenne. Ominaisuuksia oli paljon, mutta päätarkoituksena oli tutkia laajalti utarekudoksen laadun yhteyttä muihin ominaisuuksiin.

7.2 Periytymisasteet

Aiemmissa tutkimuksissa on havaittu, että tuotosominaisuudet periytyvät holsteinrotuisilla lehmillä keskinkertaisesti (Campos ym. 2015), soluluvun periytymisaste on matala (Boettcher ym. 1998) ja ayrshirerotuisilla lehmillä utarerakenneomaisuudet ovat periytymisasteiltaan matalasta korkeaan (Kistemaker ja Huapaya 2005). Utarekudoksen periytymisaste on useissa tutkimuksissa ollut matalan ja keskinkertaisen välillä 0,08–0,14 (Boettcher ym. 1998, Campos ym. 2015, Kern ym. 2015, Kistemaker ja Huapaya 2005 ja Wu 2013).

Pohjoismaisissa punaisissa lypsyroduissa somaattisen soluluvun logaritmimuunnoksen periytymisaste vaihtelee 0,08–0,15 riippuen laktaatiosta (1–3). Pohjoismaisten punaisten lypsyrotujen (FAY, SRB ja RDM) utarerakenneominaisuudet ovat periytymisasteiltaan keskinkertaisesta korkeaan, matalin periytymisaste on keskisiteellä 0,17 ja korkein vedinpituudella 0,44 (NAV 2017).

Tässä tutkimuksessa periytymisasteet vaihtelivat matalasta korkeaan. Matalin periytymisasteen arvio oli somaattisella soluluvulla SCC (0,08) ja korkein vedinpituudella (0,47). Tuotosominaisuuksien heritabiliteetit vaihtelivat välillä 0,24–0,36, maitotuotoksella ollen korkein periytymisaste. Utarerakenneominaisuuksien periytymisasteet vaihtelivat keskinkertaisesta korkeaan. Utarekudoksen periytymisaste oli 0,15 eli keskinkertainen. Kaikille tutkittaville ominaisuuksille haluttiin laskea periytymisaste, sillä niiden avulla voitiin indikoida tutkimuksessa käytettyä aineistoa. Erityisesti tuotosominaisuuksien periytymisasteiden arviot kiinnostivat tämän vuoksi.

Verrattuna aikaisempiin tutkimuksiin, tämän tutkimuksen tulokset ovat samansuuntaisia: tuotosominaisuuksien periytymisasteet ovat keskinkertaisia, somaattisten solulukujen periytymisasteet ovat matalia ja utarerakenneominaisuudet ovat keskinkertaisesta korkeaan heritabiliteetiltaan.

7.3 Geneettiset korrelaatiot utarekudoksen ja muiden tutkittavien ominaisuuksien välillä

Boettcherin ym. (1998) kanadalaisessa holsteintutkimuksessa oli tutkittu mm. utarerakenteen ja käyttöominaisuuksien geneettisiä korrelaatioita utarekudoksen laatuun. Utarerakenneominaisuuksissa geneettiset korrelaatiot vaihtelivat -0,05–0,77. Yksittäisissä ominaisuuksissa utarekudoksella ja keskisiteellä oli korkein geneettinen korrelaatio, 0,77,

matalin geneettinen korrelaatio taas laskettiin etuvedinten pituudelle (-0,05). Utarekudoksen ja soluluvun logaritmin SCS välillä oli 0,04:n geneettinen korrelaatio.

Tässä opinnäytetyössä utarerakenteen ja utarerakenneominaisuuksien geneettiset korrelaatiot vaihtelivat välillä 0,0–0,52. Geneettistä korrelaatiota ei ollut takakiinnityksen leveydellä ollenkaan, toisin kuin Boettcherin ym. tutkimuksessa (1998) saatu 0,49. Matalin geneettinen korrelaatio oli vedinpituuden ja utarekudoksen välillä, 0,07. Tätä ei kuitenkaan voi suoraan verrata aiempaan tutkimukseen, jossa oli käytetty etuvedinten pituutta, tässä taas oli arvioituna takavedinten pituus. Korkein yksittäisen ominaisuuden geneettinen korrelaatio laskettiin utarekudoksen ja keskisiteen välillä, 0,51. Aiemmassa tutkimuksessa myös keskiside oli vahvimmin geneettisesti korreloitunut ominaisuus utarekudoksen kanssa. Kokonaisutarerakenteen ja utarekudoksen välinen geneettinen korrelaatio oli 0,52 kun aiemmassa Boettcher'in ym. (1998) tutkimuksessa se oli 0,48. Soluluvun logaritimuunnoksen ja utarekudoksen geneettiseksi korrelaatioksi laskettiin tässä tutkimuksessa 0,02, mutta se ei ole merkitsevä, sillä 95 %:n luottamusväli sisältää nollan (0). Aiemmassa tutkimuksessa on saatu samansuuntaisesti näille matala korrelaatio. Aiemmassa Sewalem'in ym. (2005) tutkimuksessa löydettiin myös geneettinen yhteys utarekudoksen ja utaretulehdusten esiintymistiheyden kanssa.

Tuotosominaisuudet ovat aiemmassa tutkimuksessa olleet positiivisesti geneettisesti korreloituneita utarekudoksen kanssa. Campos'in ym. (2015) tutkimuksessa maitotuotoksen geneettinen korrelaatio utarekudoksen kanssa oli 0,39, valkuaistuotoksen kanssa 0,35 ja rasvatuotoksen kanssa 0,34. Nämä eroavat tähän tutkimukseen, jossa saatiin negatiivisia geneettisiä korrelaatioita: maitotuotoksen ja utarekudoksen välille -0,34, valkuaistuotoksen kanssa -0,36 ja rasvatuotoksen kanssa -0,36. Tämän tutkimuksen utarekudoksen negatiivisia geneettisiä korrelaatioita voisi selittää se, että kaikilla AF-Class-luokitusta käytävillä tiloilla kaikkia ayrshirelehmii ei ole luokitettu.

7.4 Kestävyys

Tässä tutkimuksessa lehmien poikimakertojen määrään vaikuttavia tekijöitä utarerakenneominaisuuksista olivat kaikki paitsi etukiinnitys ja vedinten sijainnit. Kun utarekudos otettiin malliin mukaan tekijänä, sen jälkeen merkitseviä olivat takakiinnityksen korkeus

ja leveys sekä vedinpituus. Utaremuoto, keskiside ja kokonaisutarerakenne selittivät maksimipoikimakertaa enemmän kuin utarekudos.

Vuosina 2010–2013 ensimmäisen kerran poikineiden lehmien utarekudoksen ensikkoluokituksen keskiarvo oli 5,61. Näistä lehmistä neljännelle laktaatiolle selvinneiden ensikkoluokituksen utarekudoksen keskiarvo oli 5,66. Vukasinovic'in ym. (1995) tutkimuksessa huomattiin, että utarekudos on geneettisesti korreloitunut kestävyysden kanssa.

Poikimakertojen määrään vaikuttivat useat eri utarerakenneominaisuudet, mutta kokonaisutarerakenne vaikutti siihen eniten. Etukiinnityksellä, etuvedinten ja takavedinten sijainnilla ei ollut tilastollista merkitsevyyttä maksimipoikimakertoihin. Utarekudoksen vaikutusta selityssasteeseen veivät utaremuoto, keskiside ja kokonaisutarerakenne.

8 JOHTOPÄÄTÖKSET

Kanadalaisessa rakennearvostelussa on uusia ominaisuuksia, kuten utarekudos, verrattuna pohjoismaiseen rakennearvosteluun. Tässä opinnäytetyössä tutkittiin Suomen Ayrshirekasvattajat ry:n aineistosta utarekudoksen geneettisiä tunnuslukuja suomalaisessa ayrshirepopulaatiossa.

Tässä tutkimuksessa tuotosominaisuudet olivat periytymisasteiltaan samansuuntaisia verrattuna aiempiin tutkimuksiin. Utarekudoksen periytymisasteeksi laskettiin 0,15, joka on hieman korkeampi kuin aiemmissa tutkimuksissa.

Utarekudos oli positiivisesti geneettisesti korreloitunut erityisesti kokonaisutarerakenteen, 0,52, keskisiteen, 0,51, ja utaremuodon, 0,45, kanssa. Negatiivisia geneettisiä korrelaatioita saatiin utarekudoksen ja tuotosominaisuuksien, -0,36 – -0,34, välille.

Ayrshirelehmien maksimipoikimakertoihin vaikuttivat useat eri tekijät, utarerakenneominaisuuksista utaremuoto, keskiside ja kokonaisutarerakenne olivat tilastollisesti merkitsevimpiä. Utarekudoksen ensikkoluokituksen keskiarvo nousi 0,05 lehmillä, jotka selvisivät neljännelle laktaatiolle.

Tämän tutkimuksen perusteella utarekudos on keskinkertaisesti periytyvä ominaisuus, joka on positiivisesti geneettisesti korreloittunut erityisesti kokonaisutarerakenteen, keskisiteen ja utaremuodon kanssa. Utarekudos voi myös mahdollisesti toimia indikaattorina kestävämmälle lehmälle.

Ensimmäiseltä neljännelle laktaatiolle selvinneiden utarekudoksen ensikkoluokituksen keskiarvon nousu on mielenkiintoinen. Kattavammalla aineistolla voisi tutkia lisää, voisiko utarekudoksen laatu toimia indikaattorina kestävämmälle lehmälle. Valitettavasti eläimiä oli valittu luokitukseen jäsentiloilla, joten todennäköisesti sen vuoksi todellista eroa ei tullut esiin. Tämän vuoksi tämä tutkimus osoittaa, että Ayrshirekasvattajat ry:n luokituspalveluita käyttävien kannattaisi luokittaa kaikki eläimensä, ei vain parhaita.

9 KIITOKSET

Haluan kiittää maisterintutkielmani mahdollistamista Suomen Ayrshirekasvattajat ry:ä. Erityisesti haluan kiittää entistä hallituksen puheenjohtajaa Mirja Koljosta ideasta tähän työhön. Kiitos myös Faba osk:lle ja tutkimusagronomi Jukka Pösölle lehmien muista tiedoista tutkielmää varten.

Kiitos ennen kaikkea ohjaajalleni, kotieläinten jalostustieteen professorille Asko Mäki-Tanilalle, innostavasta yhteistyöstä.

10 LÄHTEET

- Boettcher, J. P., Dekkers, J. C. M. ja Kolstad B. W. 1998. Development of an udder health index for sire selection based on somatic cell score, udder conformation, and milking speed. *Journal of Dairy Science* 81: 1157 – 1168.
- Campos, R. V., Cobuci, J. A., Kern, E. L., Costa, C. N. ja McManus C. M. 2015. Genetic parameters for linear type traits and milk, fat, and protein production in Holstein cows in Brazil. *Asian Australian Journal of Dairy Science* 28:476 – 484.
- Frandsen, R. D. 1986. *Anatomy and physiology of farm animals*. 4. painos. Lea & Febiger. 560 s.
- Holstein Canada. 2015. Évaluation de la Conformation Assessment. https://www.holstein.ca/PublicContent/PDFS/NEUTRAL/BreedPosters/Canadian-Kind_AY_EN.pdf. Tulostettu 4.10.2017.
- Holstein Canada. 2017. Ayrshire conformation analysis – female. https://www.holstein.ca/PublicContent/PDFS/CFSWorksheets2017/Ayrshire_ScoreCard_F_Worksheet_EN.pdf. Tulostettu 8.10.2017.
- ICAR 2015. Conformation Recording of Dairy Cattle. http://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2015/05/Conformation_recording_pictures.pdf. Tulostettu 14.3.2018.
- ICAR 2017. ICAR recording guidelines. <http://www.icar.org/Guidelines/05-Conformation-Recording.pdf>. Tulostettu 23.10.2017.
- Kern, E. L., Cobuci, J. A., Costa, C. N., McManus, C. M., Campos, G. S., Almeida T. P. ja Campos R. V. 2014. Genetic association between herd survival and linear type traits in Holstein cows under tropical conditions. *Italian Journal of Animal Science* 13:665 - 672.
- Kistemaker, G ja Huapaya, G. 2005. Parameter estimation for type traits in the Holstein, Ayrshire and Jersey breeds. https://www.cdn.ca/Articles/GEBAPRIL2006/Parameter_Estimation.pdf. Tulostettu 2.10.2017
- Kolbehdari, D., Wang, F., Grant, J. R., Murdoch, B., Prasad, A., Xiu, Z., Marques, E., Stothard, P. ja Moore, S. S. 2008. A whole-genome scan to map quantitative trait loci

- for conformation and functional traits in Canadian Holstein bulls. *Journal of Dairy Science* 91:2844 - 2856.
- Monardes, G. H., Cue, R. I. ja Hayes, J. F. 1989. Correlations between udder conformation traits and somatic cell counts in Canadian Holstein cows. *Journal of Dairy Science* 73:1337-1342.
- NAV. 2017. NAV routine genetic evaluation of dairy cattle – data and genetic models. <http://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2018/03/NAV-routine-genetic-evaluation-032018.pdf>. Viitattu 29.3.2018.
- Nokka, S. 2017. Lypsykarjan tuotosseurannan tulokset 2016. https://www.proagria.fi/sites/default/files/attachment/lypsykarjan_tuotosseurannan_tulokset_2016.pdf. Viitattu 23.10.2018.
- Schneider, M. del P., Dürr, J. W., Cue R. I., ja Monardes H. G. 2003. Impact of type traits on functional herd life of Quebec Holsteins assessed by survival analysis. *Journal of Dairy Science*. 86:4083-4089.
- Sewalem, A., Kistemaker, J., ja Van Doormal, B. J. 2005. Relationship between type traits and longevity in Canadian Jerseys and Ayrshires using a Weibull proportional hazards model. *Journal of Dairy Science* 88:1552-1560.
- Suomen Ayrshirekasvattajat ry. 2010. Ayrshire-lehti. Verkkojulkaisu. http://fdd.fi/lehti_sahkoisessa_muodossa/Ayrshire-lehti_2-2010/FLASH/index.html. Viitattu 23.10.2017.
- Suomen Ayrshirekasvattajat ry. 2013. Ayrshire-lehti. Verkkojulkaisu. http://fdd.fi/lehti_sahkoisessa_muodossa/Ayrshire-lehti_1-2013/FLASH/index.html. Viitattu 23.10.2017.
- Tanhuanpää, E. 1993. Utareen rakenne. Teoksessa: Sandholm, M., Honkanen-Buzalski T., Kaartinen, L. & Pyörälä, S (toim). *Eläinlääketieteellinen korkeakoulu, Helsinki. Utareen sairaudet.* s. 7-16.
- Van Dorp, T. E., Boettcher, P. ja Schaeffer, L. R. 2004. Genetics of locomotion. *Livestock Production Science* 90:247-253.

- Villemereuil, P. 2012. Estimation of a biological trait heritability using the animal model - How to use the MCMCglmm R package. http://devillemereuil.legtux.org/wp-content/uploads/2012/12/tuto_en.pdf. Tulostettu 26.3.2018.
- Wu, X., Fang, F., Liu, L., Wang, S., Liu, J., Ding, X., Zhang, S., Zhang, Q., Zhang, Y., Qiao, L., Lund, M. S., Su, G., Sun, D. 2013. Genome wide association studies for body conformation traits in Chinese Holstein cattle population. *BMC Genomics* 14:897.
- Vukasinovic, N., Moll, J. ja Kunzi, N. 1994. Genetic relationships among longevity, milk production, and type traits in Swiss Brown cattle. *Livestock Production Science* 41:11-18.
- Vukasinovic, N., Schleppei, Y. ja Kunzi, N. 2002. Using conformation traits to improve reliability of genetic evaluation for herd life based on survival analysis. *Journal of Dairy Science* 85:1556-1562.